Instituto Nacional de Ciência & Tecnologia (INCT) em

ECOLOGIA, EVOLUÇÃO & CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE (EECBio)



Relatório final das atividades realizadas no Projeto do Instituto Nacional de Ciência & Tecnologia (INCT) em "Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade" (EECBio) aprovado na Chamada INCT – MCTI/CNPq/CAPES/FAPs nº 16/2014, entre 2017 e 2025.

Goiânia – GO

Abril de 2025

SUMÁRIO

	Pg.
1. Apresentação	3
2. A Estrutura do EECBio	5
2.1. Gestão e Governança	5
2.2. Implantação e breve histórico do desenvolvimento do EECBio	7
2.3. Objetivos e Metas	12
3. Atividades de Pesquisa dos GTs 2017-2025	20
3.1. GT Macroecologia e Macroevolução	28
3.2. GT Ecologia de Comunidades	71
3.3. GT Modelos de Nicho e Mudança Climática	94
3.4. GT Genética e Genômica Evolutiva	152
3.5. GT Diversidade Funcional e Ecossistemas	188
3.6. GT Planejamento em Conservação	204
3.7. GT Monitoramento Acústico	213
3.8. GT Ecologia Aquática	225
4. Atividades Gerais do EECBio	298
4.1. Atividades do EECBio na pandemia da COVID-19	298
4.2. GitHub	307
4.3. Atividades de Extensão	310
4.4. “Facilities”	316
4.5. Integração com ONGs e apoio à políticas públicas	323
5. Avaliação da Equipe e Produção Científica	330
5.1. Avaliação da Equipe	330
5.2. Produção Cientifica	332
5.3. Oficinas de Pesquisa	339
5.4. Lista de publicações	368
6. Movimentação financeiro e bolsas	402

1. APRESENTAÇÃO

O INCT em “Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade” (EECBio) tem por objetivo de consolidar uma rede de pesquisa e de formação de recursos humanos de excelência nas áreas de análise e conservação da biodiversidade. Especificamente, o EECBio promove estudos de biodiversidade em diferentes escalas espaciais, temporais e níveis da hierarquia biológica (de genes à paisagem), por meio do desenvolvimento, aplicação, avaliação e divulgação de métodos inovadores para a obtenção e análise de dados. Visa-se assim uma melhor compreensão dos processos ecológicos e evolutivos envolvidos na origem e manutenção dos padrões de biodiversidade, bem como a otimização de estratégias para sua conservação com base em evidências sobre efeitos antrópicos, especialmente causados por mudanças climáticas, invasões biológicas e mudanças no uso do solo. Em última instância, essa conservação é fundamental para a manutenção dos serviços ecossistêmicos que beneficiam as próprias sociedades humanas. Alguns aspectos importantes da estrutura adotada no EECBio para o cumprimento desses objetivos são:

1. Embora o tema geral do projeto seja amplo, as linhas de pesquisa do EECBio reforçam claramente um foco em teoria e métodos, integrando questões ecológicas e evolutivas com o objetivo de avaliar de forma abrangente os efeitos de mudanças climáticas, invasões biológicas e mudanças no uso do solo;

2. A equipe, incluindo os colaboradores internacionais, foi definida considerando a necessidade da interdisciplinaridade e a partir de experiências prévias e bem-sucedidas de cooperação, reforçando redes de pesquisa já existentes. Assim, a equipe é formada por pesquisadores de diversas regiões do país e com diferentes tempos de formação, atuando em universidades consolidadas e em novos campi ou universidades;

3. O principal objetivo do EECBio é criar, ampliar e fortalecer redes de cooperação entre pesquisadores e grupos de pesquisa, facilitando o intercâmbio de ideias em termos de métodos, teorias e subsídios para solução de problemas de conservação e implementação de políticas públicas. A divulgação para a sociedade dos resultados gerados nessas cooperações tem sido ativamente incentivada.

Apresentamos, no presente relatório final, uma síntese das atividades do EECBio entre 2017 e 2025. Dada a complexidade do projeto, o elevado número de pesquisadores e de grupos de pesquisa, trabalhando em longa prazo, torna-se difícil apresentar todas as ações desenvolvidas. O presente relatório destaca as principais contribuições do EECBio ao longo dos últimos 8 anos, especialmente envolvendo de forma integrada a formação de recursos humanos, internacionalização e trabalhos de pesquisa na fronteira do conhecimento em ecologia, evolução e conservação da biodiversidade. Nesse sentido, além de uma elevada produção científica e da publicação de 17 artigos nas principais revistas científicas do mundo (*Science, Nature, e PNAS*; ver seção 4.5), o sucesso do EECBio fica claramente demonstrado pela grande inserção e apoio aos pesquisadores das instituições de Goiás pela FAPEG, com a criação de três centros de excelência decorrentes disso, bem como o apoio ao programa “Araguaia Vivo 2030”, executado pela TWRA com financiamento da FAPEG e em parte originado do projeto sobre monitoramento por eDNA do rio Araguaia do EECBio. Finalmente, entende-se que o principal indicador do sucesso do EECBio foi a aprovação de sua continuidade, no contexto da chamada MCTI/CNPq/SECTICS/MS/CAPES/FAPs Nº 46/2024, cujos resultados (preliminares) foram divulgados em março de 2025.



2. A ESTRUTURA DO EECBio

2.1. Gestão e Governança

Instituição-sede: UFG

Instituições Associadas (Brasil): EMBRAPA, IFG, PUC-GO, PUC-MG, PUC-RS, UEG, UEM, UEM, UESC, UFBA, UFAL, UFC, UFG, UFJ, UFMG, UFMS, UFMT, UFPA, UFPR, UFRB, UFRGS, UFRJ, UFS, UFSM, UFU, UNAERP, UnB, UNESP, UFRPE, UNICAMP, UNIRIO, UNISANTA, UNAERP, USP, UTFPR, UNIFESP, UFPeL, UFSM, IFG, IF Goiano, UCSAL, IFSP, UFC, UFRN, UESC

Instituições Associadas (Internacional): University of Kansas (US), Universidad Nacional del Comahue (Argentina), Museu Nacional de Ciencias Naturais (CSIC)(Espanha), University of California (US), Universidade da Dinamarca/CMEC (Dinamarca), Stellenbosch University (Africa do Sul), Universidade de Toronto (Canada), University Halle-Wittenberg (Africa do Sul), University of Queensland (Australia), Finnish Environmental Institute (Finlandia), University of Guelph (Canada), Universidade de Toronto (Canada), University of Florida (US), Universidad Rey Juan Carlos (Espanha), Imperial College (UK), Open University (UK), University of Alcalá (Espanha), Universidade do Minho (Portugal), University of Quebec at Montreal (Canada), Institute of Marine Sciences (CSIC)(Espanha), University of Connecticut (US), James Cook University (Australia), Université Joseph Fourier (França), Charles University (França), University of Duke (US), Instituto de Ecologia (México), Universidade de Frederico III de Napoli (Italia), Universidade Autonoma de Madri (Espanha).

Suporte Institucional (centros): I-Div (“Centro Alemão de Pesquisa em Biodiversidade Integrativa”), Centro de Macroecologia, Evolução e Clima (CMEC/Copenhage) e “Centro de Excelência para Invasões Biológicas” (CIB, África do Sul)

ONGs e outros Parceiros Nacionais: Fundação “O Boticário de Proteção à Natureza”, Instituto Boitatá, Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Naturae, IOP, TWRA.

Estrutura Administrativa:

Coordenação Geral: José Alexandre Felizola Diniz-Filho
Vice-Coordenação: Luis Mauricio Bini
Sub-Coordenação de Pesquisa: Luis Mauricio Bini / Levi Carina Terribile
Sub-Coordenação de Formação de Recursos Humanos: Adriano S. Melo
Sub-Coordenação de Comunicação e Divulgação Científica: Thannya N. Soares/ Rogério P. Bastos
Sub-Coordenação de Transferência de Tecnologia & Interação com a Sociedade: Rafael D. Loyola
Sub-Coordenação Financeira: Mariana Pires de Campos Telles

Conselho Gestor (CG): Coordenadores e subcoordenadores executivos (acima) e os seguintes representantes das instituições associadas:

- Loreta Brandão de Freitas (UFRGS)
- João Carlos Nabout (UEG)
- Mariana M. Vale (UFRJ)
- Ricardo Dobrovolski (UFBA)
- Sidinei M. Thomaz (UEM)
- Thomas Lewinsohn (UNICAMP)

2.2. Implantação e breve histórico do desenvolvimento do EECBio

2.2.1. Implantação e primeiras ações do EECBio

O EECBio foi formalmente lançado em 5 de junho de 2017, com uma reunião científica ampla realizada no Instituto de Ciências Biológicas da UFG. Participaram da cerimônia de abertura o Vice-Reitor da UFG, Prof. Dr. Manoel Chaves, os Pró-Reitores de Pesquisa e Pós-Graduação da UFG (Profa. Dra. Maria Clorinda Fioravanti), UEG (Prof. Dr. Ivano Devilla), PUC-GO (Profa. Dra. Milca Severino, representada pelo Prof. Dr. Nelson Jorge da Silva Jr., da equipe do EECBio), Vice-Diretor do ICB, Prof. Dr. Augusto Figueiredo e a Presidente da FAPEG e CONFAP, Profa. Dra. Maria Zaira Turchi (Fig. 2.1).



Fig. 2.1. Fotos da cerimônia de abertura da 1ª reunião geral de planejamento e lançamento do EECBio, junho de 2017.

A reunião foi iniciada por uma apresentação geral do projeto aprovado pelo CNPq e FAPEG, pelo coordenador do projeto (Prof. Dr. José Alexandre F. Diniz Filho), com a palestra de abertura tendo sido ministrada pelo Prof. Dr. Miguel Petrere Jr. (Fig. 2.2). Em seguida, os GTs se reuniram para discutir suas atividades e começar a estruturar as reuniões e os projetos de pesquisa a serem desenvolvidos após a liberação dos recursos da FAPEG. Estavam presentes 25 dos 30 PIs do GTs (ver seção 3.4), além de outros diversos pesquisadores do EECBio, inclusive 5 deles de fora do Estado de Goiás, um pesquisador da Espanha (Miguel Olalla-Tarraga, da Universidad Rey Juan Carlos, Madri), bem como Pós-Docs, alunos de graduação, pós-graduação e bolsistas DTI do projeto (Fig. 2.3)



Fig. 2.2. Palestra de abertura do EECBio, sobre "Hidrelétricas: O Mito da Energia Verde (ou Limpa)", ministrada pelo Prof. Miguel Petrere Jr., da UNISANTA.



Fig. 2.3. Apresentação do EECBio pelo Prof. José Alexandre (acima) e equipe reunida ao final da reunião inicial de junho de 2017 (abaixo).

Em termos de infraestrutura física, durante o primeiro ano do projeto também foi estruturada uma sala de reuniões/webconferência e secretaria para o EECBio, localizada no prédio do ICB1 da UFG (ver seção 3.5). A sala montada possui cerca de 25 m^2 e conta com uma sala de reuniões, uma secretaria e uma ante-sala com bancadas de trabalho. Como a FAPEG ainda não havia liberado os recursos de capital em 2017, os equipamentos de áudio-video da sala do EECBio foram adquiridos com recursos PROEX/CAPES do PPG em Ecologia & Evolução da UFG. Além de reuniões do EECBio, a sala tem sido utilizada para reuniões dos grupos de pesquisa, reuniões de projetos associados (PELD, PRONEN, PRONEX) e cursos de capacitação e exames de qualificação dos PPGs associados ao EECBio.

Além da organização da sala de reuniões e webconferência, o EECBio apoiou a adequação do espaço do auditório do ICB5 (Departamento de Ecologia), em parceria com o PPG em Ecologia & Evolução da UFG. Foram realizadas também pequenas adequações do espaço físico do laboratório multiusuário do Departamento de Ecologia da UFG (ICB1), com confecção de bancadas. Este laboratório já está recebendo equipamentos para análises limnológicas a partir da liberação de recursos de capital pela FAPEG, e sendo usado por diversos pesquisadores do EECBio.

Finalmente, Ainda em termos de uma organização inicial, a equipe do MediaLab (FAV/UFG), com o apoio de 2 bolsistas (DTI-B e DTI-C), trabalhou no primeiro semestre de 2017 na criação da identidade visual e logomarca do EECBio. Após várias discussões e reuniões, foram finalizadas as diversas variações da logomarca para diferentes aplicações e elaborado um “Manual da Marca” do EECBio, com detalhamento do uso e aplicações. Uma das propostas do grupo do *MediaLab* seria a criação de um portal de integração e uma webpage geral do EECBio, mas por diversas razões essa proposta não pode ser executada em 2017. Resolveu-se então, por facilidades operacionais, criar a webpage do EECBio no sistema “weby”, desenvolvido pelo CERCOMP da UFG, em um domínio próprio, análoga a um instituto (unidade acadêmica). A webpage pode ser acessada em www.eecbio.ufg.br (Fig. 2.4) e tem sido atualizada continuamente com informações sobre as atividades do EECBio, incluindo atividades de pesquisa, administrativas (i.e., implementação de bolsas), parcerias e divulgação em geral. Mais recentemente, por limitações no weby, resolveu-se criar uma nova webpage, no sistema Wix, que possui uma visualização de melhor qualidade (www.incteecbio.org). A ideia é que as duas webpages tenham funções um pouco diferentes, sendo a página da UFG mais institucional e de uso mais “administrativo” pela equipe do EECBio e a nova página para uma divulgação mais ampla (Fig. 2.4).

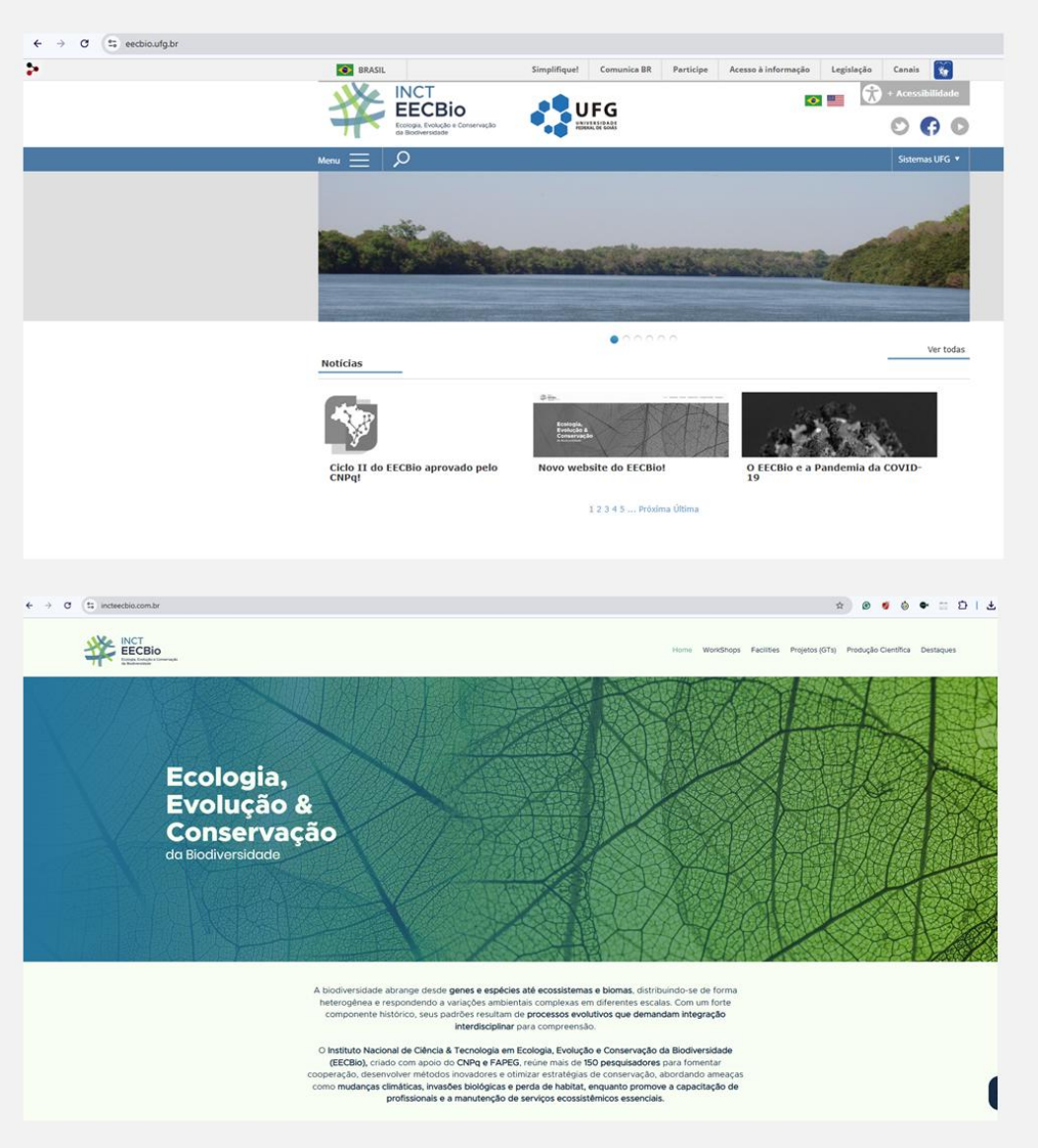


Fig. 2.4. Webpages do EECBio, com a página no sistema da UFG (weby) (acima) e a nova página criada no sistema Wix (abaixo).

Além da webpage dentro do sistema da UFG, entende-se que é preciso uma divulgação mais ágil e dinâmica pela internet nos tempos atuais, por meio de diferentes redes sociais (https://www.facebook.com/INCT-Eecbio-194719421033966/). Foi criada em julho de 2017 uma página do EECBio no Facebook, no qual são divulgadas notícias e atualidades na temática do EECBio (biodiversidade em geral), artigos científicos do grupo (ou outros de interesse para os eixos temáticos do grupo). Mais recentemente, a ênfase da divulgação em redes sociais deslocou-se para o instagram, especialmente a partir de 2022-2023, com um bom impacto e um elevado nível de visualizações (seção 4.3).

Foi criado também um canal no YouTube para o EECBio (https://www.youtube.com/channel/UC1SsttFqtlICHCX9AczZqbg/videos), com o objetivo de divulgar vídeos referentes aos projetos de pesquisa e aos grupos de trabalho. Esse canal foi criado em outubro de 2017 com o objetivo de divulgar as atividades do EECBio no contexto da Semana Nacional de Ciência & Tecnologia (SNCT), e conta atualmente com 54 seguidores. Foram postados na época um total de 34 vídeos de curta duração, em diferentes "séries" (pesquisadores do EECBio apresentando seus GTs, bolsistas DTI e alunos de graduação e pós-graduação e pesquisadores internacionais associados ao EECBio apoiando a Ciência Brasileira e se manifestando contra os cortes no orçamento de 2017 e previstos para 2018). O canal foi utilizando principalmente no contexto da SNCT, mas que deve ser reativado à medida que os resultados iniciais dos projetos em andamento começarem a ser divulgados. Durante a pandemia, foram realizados diversos "webinars" usando a plataforma streamyard que automaticamente posta os vídeos no canal. Um vídeo institucional foi também gerado à pedido do CNPq e encontra-se no canal deste, estando vinculado atualmente à webpage nova do EECBio (https://www.youtube.com/watch?v=vX6vto6H1Lo&t=23s).

2.2.2. Breve histórico do funcionamento do EECBio

Com a liberação inicial de recursos do CNPq em 2017 e de capital e custeio pela FAPEG (em meados de 2018), o EECBio assumiu a sua configuração atual em termos de GTs e realizou uma discussão sobre os projetos que seriam desenvolvidos, após avaliação e aprovação pelo Conselho Gestor (CG). Os projetos e GTs começaram a receber recursos de capital (para os projetos de Goiás), custeio (com recursos da FAPEG) e bolsistas (DTI-A ou DTI-B). As primeiras etapas da estruturação inicial do EECBio, bem como os primeiros resultados dos GTs, foram apresentadas durante III Seminário de Avaliação dos Institutos Nacionais de Ciência & Tecnologia, em Brasília, em novembro de 2019 (Fig. 2.5), quase 3 anos após o início do projeto (e considerando que os recursos de capital/custeio da FAPEG só tenham sido aportados em 2018). Na ocasião o projeto foi bastante elogiado e recebeu um parecer positivo da comissão de avaliação do CNPq.



Fig. 2.5. Apresentação do EECBio no III Seminário de Avaliação dos Institutos Nacionais de Ciência & Tecnologia, em Brasília, novembro de 2019.

Inicialmente, os resultados e o andamento desses projetos seriam avaliados em meados de 2020, para uma nova rodada de discussões e financiamento, com manutenção dos projetos iniciais e/ou apresentação de novos projetos por mais 2 anos em cada GT, até o encerramento do projeto, previso originalmente para novembro de 2022. Entretanto, em 2019, a FAPEG comunicou que não seria possível efetivar o pagamento da segunda parcela, de modo que se decidiu que os projetos iniciais seriam prorrogados até que houvesse novo financiamento. A bolsas do CNPq continuaram sendo implementadas normalmente de acordo com o planejado. Foram discutidas com a FAPEG outras possibilidades de apoio indireto ao EECBio por meio de outros projetos e editais mais articulados com o Estado de Goiás (que, em última instância, desencadeariam a aprovação, em 2023, do programa “Araguaia Vivo 2030”, em parceria com a TWRA; ver a seguir) .

Em 2020, começou a pandemia da COVID-19 que interrompeu diversas atividades dos projetos, especialmente as reuniões e workshops presenciais e as

atividades de campo previstas em alguns dos GTs, além de desencadear os diversos problemas bem conhecidos de saúde, incluindo questões emocionais e psicológicos, nos membros da equipe. Por outro lado, é importante destacar que, entre 2020 e 2022 a equipe do EECBio teve um papel importante no apoio à tomada de decisões relacionadas à mitigação do impacto da COVID-19 (ver seção 4.1 para detalhes). Além de publicação técnicas e de divulgação no tema, pesquisadores do EECBio em Goiás analisaram dados e desenvolveram modelos da expansão da pandemia para subsidiar decisões do Governo do Estado e das secretarias de saúde em vários municípios. A partir de 2021, o LGBio realizou mais de 2000 análises para dar apoio na vigilância genômica e detecção de novas variantes do SARS-COV-2, utilizando a infraestrutura física e envolvendo os diversos bolsistas e estudantes do EECBio, com apoio emergencial aprovado na FAPEG para custeio. Nos dois casos, além do apoio à tomada de decisão, houve transferência de tecnologia na forma de *scripts* computacionais, workshops e apoio ao corpo técnico das secretarias, participação dos grupos da UFG em várias redes de pesquisa nacionais, além de muitas inserções na mídia. Isso foi possível em função do perfil dos pesquisadores em análise genética/genômica, modelagem computacional e estatística, ainda que estes atuem rotineiramente em temas mais básicos de biodiversidade, mostrando como investimentos em ciência básica e na formação de recursos humanos podem permitir respostas a demandas complexas e emergenciais da sociedade.

Em junho de 2021, a FAPEG comunicou à coordenação do EECBio que o problema dos “restos a pagar” havia sido resolvido, e que a fundação priorizou a liberação de recursos adicionais da ordem de R$ 1.500.000,00 para capital e custeio. Solicitamos que a FAPEG permitisse converter parte do custeio em bolsas, dada a grande demanda dos GTs, mas isso foi considerado inviável juridicamente e operacionalmente pela fundação. A FAPEG, entretanto, apoiou o EECBio nesse sentido e lançou um edital de bolsas de pós-doutorado específicas para os dois INCTs do Estado. O edital foi lançado em julho e a contratação de 4 bolsistas para trabalhar nos projetos do EECBio foi lançado em outubro de 2021 (a seleção ocorreu em agosto de 2021, com uma comissão formada por 3 pesquisadores do EECBio externos ao Estado de Goiás, a Profa. Rosana Tidon (UnB), o Prof. Ricardo Dobrovolski (UFBA) e o Prof. Leandro Duarte (UFRGS)). De qualquer modo, só foi possível contemplar no edital os grupos de pesquisa sediados no Estado de Goiás. Logo em seguida, a coordenação do EECBio foi comunicada sobre a possibilidade de o CNPq conseguir aportar mais recursos e prorrogar a vigência dos processos dos INCTs, sinalização concretizada pelo Ofício nº 14851/2021/COAPI/CGNAC/DCOI de 3 de setembro de 2021.

Esses dois eventos desencadearam a discussão sobre uma nova rodada de projetos dos GTs, que foi apresentada em um plano de trabalho enviado ao COAPI/CNPq no início de outubro de 2021, com recursos liberados em meados de 2022. Para essa nova fase, foram propostos 24 projetos de pesquisa e *workshops* associados aos 8 GTs. Estes desenvolveram suas atividades normalmente nos 2-3 anos seguintes, considerando a prorrogação de 2 anos dos INCTs até novembro de 2024), basicamente utilizando os recursos ainda disponíveis da FAPEG para novas reuniões de trabalho (*workshops*) e/ou trabalho experimental e observacional, incorporando novos bolsistas, conforme discutido nos resultados dos GTs (seção 3). Esses projetos foram coordenados por 27 pesquisadores do EECBio atuando em 14 instituições (UFG, UFBA, UFS, MNCN, UFRGSUFJ, UFRJ, UNIRIO, PUC-RS, PUC-GO, UEG, UFPR, UFMS e UnB). Dos 24 projetos, 13 são continuações da primeira fase, com as equipes envolvendo pelo menos 70 pesquisadores do Brasil e 15 do exterior.

Um outro ponto importante é que, a partir de 2021-2022, a FAPEG começou a estruturar grandes centros de pesquisa no Estado, a partir de acordos e discussões com as IES. A partir da grande influência e importância dos seus pesquisadores, pode-se considerar que há alguns “spin-offs” do EECBio, resultados de suas ações e da forte inserção da equipe no contexto da definição de políticas públicas e construção do sistema de C & T de Goiás. A FAPEG aprovou, em 2024, a criação e apoio ao Centro de Excelência em Genética e Genômica (CEGGen) sediado na PUC-Goiás. O CEGGen tem como objetivo desenvolver tecnologias genômicas inovadoras para fomentar áreas estratégicas, como saúde humana e animal, agricultura sustentável, bioeconomia e conservação da biodiversidade. A partir dos trabalhos desenvolvidos na estação experimental para estudos de ecossistemas aquáticos na Universidade Estadual de Goiás (UEG) em Anápolis (ver seção 3.8) e de forma análoga ao que ocorreu na PUC-Goiás, a partir da consolidação do grupo de pesquisa em Ecologia Aquática do EECBio, foi aprovada pela FAPEG em 2024 a criação do Centro de Excelência em Segurança Hídrica do Cerrado (CEHIDRA CERRADO). Ainda em um contexto de apoio r reconhecimento institucional para funcionamento e infraestrutura do EECBio, no contexto dos GTs em Ecologia Aquática e Genética e Genômica Evolutiva, em meados de 2023 a FAPEG também passou a financiar o Programa “Araguaia Vivo”, um projeto de 3 anos para pesquisas interdisciplinares na bacia do Araguaia, a partir de uma parceria com a TWRA (*Tropical Water Research Alliance*). Grande parte da equipe do EECBio das IES do Estado de Goiás atua também no “PPBio Araguaia”, aprovado pelo CNPq em 2024 e proposto para reforçar o componente de biodiversidade do “Araguaia Vivo”. Esses projetos se originaram de um plano de apoio adicional ao EECBio focado

em Goiás e que aprovado pela FAPEG em 2019 (antes da resolução da questão dos restos a pagar), mas interrompido em função do início da pandemia.

Em maior ou menor grau, portanto, os trabalhos dos GTs continuaram de forma remota durante a pandemia, sendo as reuniões presenciais e *workshops* foram retomados a partir do final de 2022/início de 2023. O grupo de pesquisa dos GTs continuou de organizando e discutindo o futuro do EECBio quando foi anunciado que, provavelmente em 2024, haveria uma nova chamada dos INCTs. Decidiu-se que a nova proposta do "ciclo II" do EECBio seria organizada em torno do tema dos "*soluções eco-evolutivas para os desafios das mudanças ambientais globai (MAGs)*", a partir dos GTs e projetos que tinham sido mais bem sucedidos e que apresentaram maior envolvimento nas diversas ações de pesquisa. Para o ciclo II propõe-se o desenvolvimento e aplicação de metodologias inovadoras e integrativas para avaliar o impacto das MAGs sobre diferentes componentes da biodiversidade em diferentes níveis hierárquicos, de genes até ecossistemas, organizados em 12 projetos de pesquisa envolvendo a análise sistemática das lacunas de conhecimento sobre biodiversidade, a compreensão dos mecanismos ecológicos e evolutivos envolvidos na relação entre biodiversidade e clima, e o desenvolvimento de modelos mecanísticos de distribuição geográfica e de sua projeção para o futuro sob diferentes cenários em diferentes horizontes temporais. Estes serão acoplados ao mapeamento regiões genômicas de interesse biotecnológico e definir estratégias *in situ* e *ex situ* de resgate genético/evolutivo para espécies focais e grupos de interesse, permitindo modelar perdas de produtividade e econômicas potenciais. Serão também avaliados, por métodos observacionais e experimentos em mesocosmos, os impactos das MAGs em diversas propriedades emergentes da biodiversidade e serviços ecossistêmicos, permitindo encontrar soluções otimizadas para uso sustentável dos recursos naturais no Brasil.

Assim, entende-se que o principal indicador do alcance das metas e do sucesso do EECBio foi a aprovação de sua continuidade, no contexto da chamada MCTI/CNPq/SECTICS/MS/CAPES/FAPs Nº 46/2024, submetida em outubro de 2024, cujos resultados (preliminares) foram divulgados em março de 2025 (além da aprovação de dois novos INCTs que constituíam de forma parcial ou total alguns dos GTs do EECBio, coordenados pelos Drs. Valério da Pata Pilar e Eduardo Eizirik).

2.3. Objetivos e Metas do EECBio

2.3.1. Descrição dos Objetivos e Metas

Foram mantidos para o EECBio os 8 objetivos específicos originalmente propostos, de caráter amplo, envolvendo as diferentes missões definidas no edital INCT 2014 (pesquisa, internacionalização, formação de recursos humanos, interação com o setor produtivo e com a sociedade). A partir de 2019, as 25 metas originais dentro desses objetivos foram reorganizadas (algumas excluídas, outras fundidas) para um total de 15 novas metas, que têm sido executadas desde então, e validadas na renovação do EECBio pelo CNPq para o período 2022-2024 (postergado depois até início de 2025). Além disso, foram acrescentados os indicadores físicos de execução (IFE) de cada uma das metas, conforme requerido pela FAPEG, conforme detalhado abaixo. De modo geral, todas essas metas já foram, em maior ou menor grau, alcançadas, embora seja sempre possível ampliar os quantitativos em termos de produtos de pesquisa e formação de recursos humanos.

OBJETIVO 1. Apoiar projetos integrados de pesquisa

Meta 1. Apoiar projetos integrados e inovadores na área de biodiversidade;

IFE: relatórios técnicos finais dos projetos e publicações de artigos associados ao EECBio;

Meta 2. Organizar reuniões para discussão de projetos integrados e avaliação dos resultados dos projetos;

IFE: reuniões com o maior número possível de pesquisadores do EECBio realizadas a cada dois anos, principalmente com os coordenadores dos GTs.

OBJETIVO 2. Promover reuniões dos grupos de trabalho (GT) temáticos

Meta 3. Realizar e organizar pelo menos 8 reuniões dos GTs envolvendo pesquisadores internacionais e do Brasil, com participação ativa de pós-doutorandos e alunos de pós-graduação (e eventualmente de graduação), com o objetivo de discutir novos assuntos e definir uma agenda de pesquisa para a área;

IFE: relatórios das reuniões de trabalho dos GTs;

OBJETIVO 3. Consolidar a inserção internacional do Brasil na área de análise da biodiversidade

Meta 4. Viabilizar visitas, missões de trabalho e participação em eventos, de pesquisadores estrangeiros de ponta na área de biodiversidade, bem como visita de brasileiros aos centros internacionais;

IFE: relatórios de visitas de pesquisadores;

OBJETIVO 4. Consolidar a produção científica integrada da equipe e sua internacionalização

Meta 5. Realizar avaliações periódicas da produção científica da equipe, focando no aumento de colaborações e interações da equipe e definindo estratégias para sua melhoria;

IFE: Avaliações cienciométricas periódicas (a cada dois anos) da equipe do EECBio, com cálculo de índices de produção científica, colaboração (coautoria), formação de recursos humanos e internacionalização;

Meta 6. Aumentar a produção de artigos, especialmente em periódicos de alto impacto;

IFE: avaliação cienciométrica das tendências de produção cientifica ao longo do tempo, a partir da meta 5

OBJETIVO 5. Estruturar laboratórios multiusuários para aquisição e processamento de dados em biodiversidade

Meta 7. Organizar as atividades multiusuários do Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBIO) da UFG e formar uma rede de cooperação/colaboração para genotipagem, genômica e análises moleculares com outros laboratórios do ECCBio;

IFE: relatório anual do LGBIO (UFG) e sua atuação em projetos do EECBio;

Meta 8. Viabilizar a utilização por um esquema multiusuário das facilidades computacionais do laboratório de “Ecologia Teórica & Síntese” (LETS) no contexto de Ecoinformática/Bioinformática;

IFE: relatório anual da utilização dos equipamentos de computação de alto desempenho do LETS/EECBio;

OBJETIVO 6. Consolidar a formação de recursos humanos na área de biodiversidade

Meta 9. Aumentar a capacidade de formação de recursos humanos da equipe, principalmente em nível de mestrado e doutorado;

IFE: avaliação da equipe em termos de formação de recursos humanos nos diferentes níveis;

Meta 10. Apoiar a oferta de disciplinas integradas de pós-graduação envolvendo docentes e estudantes dos diferentes PPGs associados ao EECBio, bem como cursos de extensão para pesquisadores e alunos ligados ao EECBio, em parceria com ONGs e outros órgãos governamentais;

IFE: realização de disciplinas integradas entre PPGs associados ao EECBio e outros cursos de extensão;

OBJETIVO 7. Criar um centro de referência para análise e avaliação da biodiversidade

Meta 11. Criar um portal do EECBio para comunicação com a sociedade e com o setor público, no qual estariam acessíveis todas as informações geradas pelo EECBio e disponibilizados uma série de “scripts e pacotes em R” e novos softwares livres para análise e processamento de dados de biodiversidade, facilitando sua utilização em pesquisa e inovação, na formação de recursos humanos e na gestão de recursos naturais;

IFE: Criação de webpage/portal e disponibilização gradual de informações gerais e scripts e softwares no portal do EECBio

Meta 12. Disponibilizar no portal do EECBio e em outras mídias digitais e/ou redes sociais (i.e., “Facebook” e “YouTube”) uma série de informações referentes ao processamento e análise da biodiversidade, incluindo documentos, vídeos e cursos para mostrar aos diferentes setores da sociedade como essa informação pode ser importante para gestão de recursos naturais;

IFE: Criar redes sociais e outras mídias ligadas ao EECBio (canal “YouTube”, “Facebook”) e apresentar relatórios de sua utilização;

Meta 13. Apoiar políticas públicas para a conservação da biodiversidade;

IFE: relatório de ações efetivas de apoio a políticas públicas, especialmente no Estado de Goiás.

OBJETIVO 8. Ampliar as atividades de divulgação e educação científica na área de biodiversidade

Meta 14. Publicar, no contexto de cada um dos projetos associados/financiados pelo EECBio, artigos de divulgação científica em periódicos como "*Scientific American Brasil", Ciência Hoje, Genética na Escola*, dentre outros.

IFE: artigos de divulgação publicados;

Meta 15. Publicar e editar livros-texto sobre análises de biodiversidade, para serem utilizados por pesquisadores, técnicos e estudantes em diferentes níveis.

IFE: publicação de livros-texto na área de biodiversidade;

2.3.2. Síntese de Objetivos e Metas Alcançados até 2025

A partir das descrições apresentadas acima, é possível avaliar de positiva os resultados alcançados pelo EECBio no início de 2025, mesmo considerando que os recursos da FAPEG para o projeto começaram a ser distribuídos efetivamente apenas a partir de agosto de 2018, que houve a pandemia da COVID-19 e que a segunda parcela de recursos da FAPEG só foi depositada em meados de 2021. Entende-se que cada um dos objetivos e metas deve ser avaliado anualmente e devem ser cumpridos gradualmente ao longo dos 8 anos de duração do EECBio até o momento.

Ao final do projeto, do total de 15 metas reorganizadas, todos foram cumpridas de alguma forma, a maior parte delas além das expectativas iniciais, embora possamos considerar que apenas uma foi cumprida parcialmente (Tabela 2.1). As metas 4 e 6 de internacionalização foram alcançadas, tanto pela vinda de mais pesquisadores internacionais (inclusive coordenando muitos "workshops") quanto pela participação em eventos remotos durante a pandemia. Ao mesmo tempo, há claramente um aumento da internacionalização da produção científica e em periódicos de maior impacto, que já incluem 17 artigos na *Science, Nature, Nature Ecology & Evolution, Nature Communications, PNAS*, dentre outras revistas de alto impacto mais específicas da área de Ecologia, Evolução e Conservação (incluindo *TREE, Ecology Letters, Global Ecology and Biogeography, Ecography, Journal fof Biogeography, Biological Conservation, Biological Reviews, Freshwater Biology, Hydrobiologia, Bioscience, Current Biology*, dentre outras) (ver seção 4.5 e seção 5.4 para a lista completa). Novas análises cienciométricas (meta 5) mais detalhadas deverão ser realizadas nos próximos anos,

após a publicação dos últimos trabalhos que foram finalizados em fevereiro de 2025, para dar maior sustentação a esses pontos, especialmente no contexto do ciclo II do EECBio.

Em relação à meta não alcançada integralmente (meta 10), havia um plano de retomar as disciplinas integradas em 2020, mas este foi frustrado pela pandemia. Agora estuda-se uma nova alternativa, via remota e envolvendo o ciclo II do EECBio. É preciso continuar investindo em artigos de divulgação e ensino, a despeito do aumento de ações nesse sentido que ocorreu desde 2019. Em relação à meta 15 (produção de livros), diversos potenciais autores da equipe do EECBio já começaram a trabalhar em algum material, mas por outro lado a montagem do GITHUB do EECBio (atendendo plenamente à meta 11) pode em parte substituir as primeiras ideias sobre os livros, devendo haver uma rediscussão sobre o perfil desses livros. De qualquer modo, um livro texto sobre macroecologia ("*The Macroecological Perspective*") pela *Springer NY*, muito baseado na experiência dos trabalhos desenvolvidos mais recentemente no contexto do GT em "macroecologia e macroevolução" foi publicado em dezembro de 2023, além de diversos outros capítulos de livros editados (ver seção 4.5 e 6), de modo que a meta foi considerada atendida nesse sentido mais amplo.

Tabela 2.1. Objetivos e metas do EECBio, alcançados integralmente (I) ou parcialmente (P), e breve descrição dos resultados/indicadores nas seções deste relatório.

Objetivo	Meta	2025	Indicadores principais
1	1	I	Foram apoiados 28 projetos integrados de pesquisa, nas duas fases do EECBio (seção 3 do relatório detalhado).
	2	I	Foram realizadas reuniões dentro dos GTs para essas avaliações, usualmente de forma remota em função da pandemia.
2	3	I	Foram organizadas 18 oficinas de trabalho (2 delas com 2 ou 3 edições), com a participação de pesquisadores estrangeiros e alunos dos PPGs
3	4	I	Participaram das oficinas 15 pesquisadores dos EUA, Suíça, Alemanha, Suécia, Espanha e Inglaterra, alguns deles retornando ao Brasil em outras ocasiões, e pelo menos 2 visitas de pesquisadores ao exterior apoiadas pelo EECBio
4	5	I	Essas avaliações foram realizadas em cada um dos relatórios bianuais (ver https://eecbio.ufg.br/p/29023-relatorios-de-atividades)
	6	I	O aumento da produção científica está bem caracterizado pela publicação de trabalhos do EECBio em periódicos de maior impacto, incluindo 17 artigos na *Science, Nature, Nature Ecology & Evolution, Nature Communications, PNAS*, dentre outras revistas de alto impacto mais específicas da área de Ecologia, Evolução e Conservação
5	7	I	Os(as) pesquisadores(as) do Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio) integraram diversos projetos e grupos na área de genômica, participando de diversas iniciativas sobre genômica da biodiversidade brasileira, como o GENOTROPICS (ver seção 4.4. do relatório detalhado).
	8	I	O cluster de computadores de alto desempenho foi importante para avançar em projetos de alta complexidade (que resultaram em artigos na *Science* e *Nature*) e processou análises computacionais para inúmeros projetos e trabalhos de bolsistas e alunos dos PPGs associados.

6	9	I	Diversas dissertações e teses foram desenvolvidas no contexto dos projetos dos GTs, e diversos alunos receberam bolsas DTI. Destaque deve ser dado ao PPG em Ecologia & Evolução da UFG, fortemente associado ao EECBio, que é um dos poucos cursos com nota máxima da CAPES na região Centro-Oeste.
	10	P	Não foram ofertadas disciplinas conjugadas nesse sentido específico, especialmente pela restrição inicial de financiamento da FAPEG e depois pela pandemia (embora diversos alunos dos PPGs e grupos de pesquisa associados ao EECBio tenham participado de forma “cruzada” de disciplinas);
7	11	I	As webpages do EECBio são funcionais e comunicam as informações importantes, e foi criado, a partir do plano de 2022-2024, um GitHub, mas ainda será preciso avançar para torná-lo mais efetivo e integrar os diversos projetos (a ser melhorado no ciclo II, 2025-2029).
	12	I	Foram criados canais no YouTube e contas nas redes sociais, com diversos vídeos, especialmente na época da pandemia (ver seção 2.2.1 do relatório detalhado). Mais recentemente, o principal veículo de comunicação do EECBio passou a ser o Instagram (@incteecbio).
	13	I	A principal iniciativa nesse sentido foi a implementação de um programa piloto de Pagamento por Serviços Ambientais (PSA) no município de Silvânia, em 2018, com apoio da Fundação “O Boticário”, à época algo bastante inovador. Mais recentemente, um dos desdobramentos do EECBio, o programa Araguaia Vivo 2030, tem tido um papel importante no sentido de subsidiar políticas públicas.
8	14	I	Foram publicados diversos artigos na *Genética na Escola, Ciência Hoje* e *Ciência & Cultura* e outros veículos de popularização da ciência (ver seção 4.5 do relatório detalhado).
	15	I	O destaque foi a publicação do “*The Macroecological Perspectives*”, pela Springer-Nature (Zurich), mas há outros livros e diversos capítulos em livros (ver seções 4.5. e 6 do relatório detalhado).

Objetivo	Meta	2025	Indicadores principais
1	1	I	Foram apoiados 28 projetos integrados de pesquisa, nas duas fases do EECBio (seção 3).
	2	I	Foram realizadas reuniões dentro dos GTs para essas avaliações, usualmente de forma remota em função da pandemia.
2	3	I	Foram organizadas 18 oficinas de trabalho (2 delas com 2 ou 3 edições), com a participação de pesquisadores estrangeiros e alunos dos PPGs
3	4	I	Participaram das oficinas 15 pesquisadores dos EUA, Suiça, Alemanha, Suecia, Espanha e Inglaterra, alguns deles retornando ao Brasil em outras ocasiões, e pelo menos 2 visitas de pesquisadores ao exterior apoiadas pelo EECBio
4	5	I	Essas avaliações foram realizadas em cada um dos relatórios bianuais (ver https://eecbio.ufg.br/p/29023-relatorios-de-atividades)
	6	I	O aumento da produção científica está bem caracterizado pela publicação de trabalhos do EECBio em periódicos de maior impacto, incluindo 17 artigos na *Science, Nature, Nature Ecology & Evolution, Nature Communications, PNAS*, dentre outras revistas de alto impacto mais específicas da área de Ecologia, Evolução e Conservação
5	7	I	O Laboratório de Genetica & Biodiversidade (LGBio) atuou com sucesso e atuaram integrando diversos projetos e grupos na área de genômica, participando de diversas iniciativas sobre genômica da biodiversidade brasileira, como o GENOTROPICS (ver seção 4.4.).
	8	I	A cluster de computadores de alto desempenho foi importante para avançar em projetos de alta complexidade (que resultaram em artigos na Science e Nature) e prestou serviços a inúmeros projetos e trabalhos de bolsistas e alunos dos PPGs associados.

6	9	I	Diversas dissertações e teses foram desenvolvidas no contexto dos projetos dos GTs, e diversos alunos apoiados com bolsa DTI total ou parcialmente durante os cursos. Destaque para o PPG em Ecologia & Evolução da UFG, fortemente associado ao EECBio, que é um dos poucos cursos com nota máxima da CAPES na região centro-oeste.
	10	P	Não foram ofertadas disciplinas conjugadas nesse sentido específico, especialmente pela restrição inicial de financiamento da FAPEG e depois pela pandemia (embora diversos alunos dos PPGs e grupos de pesquisa associados ao EECBio tenham participado de forma “cruzada” de disciplinas);
7	11	I	As webpages do EECBio são funcionais e comunicam as informações importantes, e foi criado, a partir do plano de 2022-2024, um GitHub, mas ainda será preciso avançar para torná-lo mais efetivo e integrar os diversos projetos (a ser melhorado no ciclo II, 2025-2029).
	12	I	Foram criados canais no YouTube e páginas nas redes sociais, com diversos vídeos postados, especialmente na época da pandemia (ver seção 2.2.1). Mais recentemente, o principal veículo de comunicação do EECBio passou a ser o Instagram (@incteecbio).
	13	I	A principal iniciativa nesse sentido foi a implementação de um programa piloto de PSA no município de Silvânia, em 2018, com apoio da Fundação “O Boticário”, à época algo bastante inovador. Mais recentemente, um dos “spin-offs” do EECBio, o programa Araguaia Vivo 2030, tem tido um papel bastante importante no sentido de subsidiar essas políticas públicas.
8	14	I	Foram publicados diversos artigos na *Genética na Escola, Ciência Hoje* e *Ciência & Cultura* e outros veículos de popularização da ciência (ver seção 4.5).
	15	I	O destaque foi a publicação do “*The Macroecological Perspectives*”, pela Springer-Nature (Zurich), mas há alguns outros livros e diversos capítulos em livros e enciclopédias (ver seções 4.5. e 6).

3. ATIVIDADES DE PESQUISA DOS GRUPOS DE TRABALHO (GTS) (2017-2025)

A partir de 2018, com a liberação de recursos de capital e custeio pela FAPEG, o EECBio iniciou o apoio ao desenvolvimento de projetos. As atividades de pesquisa do EECBio estão estruturadas em 3 grandes “Eixos Temáticos” (i.e., ou “linhas de pesquisa”, na proposta original), que foram discutidos e analisados de forma “transversal” nos diversos projetos de pesquisa. Esses eixos enfocam aspectos teóricos e metodológicos da avaliação integrada da biodiversidade e foram explicitamente delineados combinando diferentes áreas de pesquisa a fim de avaliar padrões e processos ecológicos e evolutivos atuando em diferentes escalas espaciais. Além disso, pretende-se avaliar como essa abordagem integrada pode contribuir para a conservação. Esses eixos temáticos são:

- Padrões de diversidade em diferentes níveis de organização e escalas de tempo e espaço;

- Adaptação, evolução do nicho ecológico e mudanças climáticas;

- Planejamento em conservação e uso sustentável da biodiversidade.

Para definir os projetos integrados associados a cada um dos três grandes eixos temáticos (ver Objetivo 1, Meta 1), foram estabelecidos 8 Grupos de Trabalho (GTs) (Fig. 3.1). Estes GTs desenvolveram inicialmente um total de 21 projetos (incluindo projetos de investigação em campo e laboratório e oficinas de trabalho) e envolveram 87 pesquisadores de 32 instituições do Brasil, além de 19 pesquisadores de 15 instituições do exterior (dos EUA, Espanha, Itália, Portugal, Dinamarca, Inglaterra, Alemanha, França e Finlândia). Esses pesquisadores representam aproximadamente 82% da equipe da proposta inicial (e alguns outros acrescentados posteriormente pelos GTs). Na 2a. fase do EECBio, após a renovação do projeto pelo CNPq no início de 2022, foram programados 24 projetos de pesquisa e workshops nos diversos GTs para serem desenvolvidos nos próximos 2-3 anos (até novembro de 2024). Esses projetos basicamente utilizarão os recursos ainda disponíveis da FAPEG e uma nova liberação pelo CNPq para novas oficinas de trabalho (*workshops)* e/ou trabalho experimental e observacional, incorporando novos bolsistas a partir dos novos recursos concedidos do CNPq (cerva de R$ 2.000.000,00). Esses projetos foram coordenados por 27 pesquisadores do EECBio atuando em 14 instituições (UFG, UFBA, UFS, MNCN, UFRGSUFJ, UFRJ, UNIRIO, PUC-RS, PUC-GO, UEG, UFPR, UFMS e UnB). As equipes desses projetos incluem pelo menos 80 pesquisadores do Brasil e 15 do

exterior. Dos 24 projetos, 13 são continuações de projetos originados anteriormente na Fase I e descritos detalhadamente no relatório 2021 (ver também https://www.eecbio.ufg.br/p/20871-grupos-de-trabalho-2017). Outros 11 projetos foram elaborados especificamente para a Fase II (dos quais 1 foi cancelado), enquanto outros 5 projetos anteriores já foram considerados “finalizados”, apenas aguardando as publicações dos seus resultados, além de defesas de teses e dissertações. Assim, em síntese, entre 2017 e 2025 os GTs desenvolveram um total de 28 projetos de pesquisa. As principais produções desses projetos podem ser encontradas na seção 7.

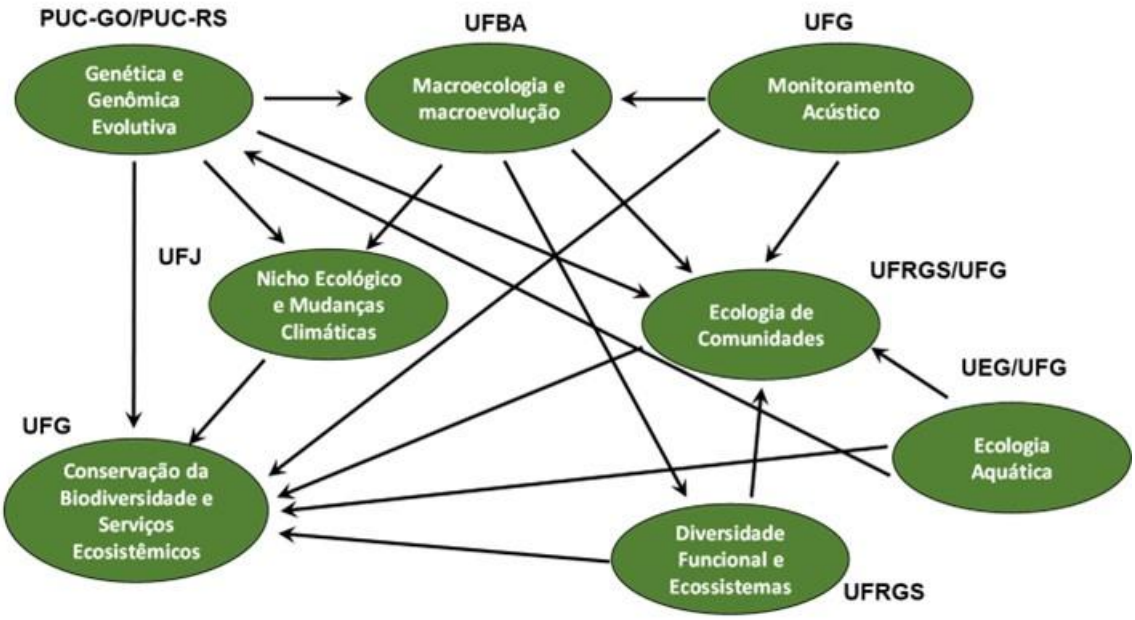


Fig. 3.1. Grupos de trabalho (GTs) do EECBio e instituições coordenadoras. As setas indicam as relações potenciais entre os projetos dos GTs.

As atividades desenvolvidas por cada GT entre 2021 e 2023 são apresentadas a seguir. Entretanto, cabe ressaltar que a pandemia da COVID-19 criou problemas para o bom andamento das atividades do EECBio a partir do início de 2020 (e.g., impedimento de reuniões presenciais, redução de trabalhos de campo ou de laboratório). Ao mesmo tempo, como será discutido posteriormente no item 4.1 (i.e., atividades gerais do INCT), o EECBio teve um papel extremamente importante em termos de pesquisa e desenvolvimento durante a pandemia, especialmente no Estado de Goiás.

3.1. Macroecologia e Macroevolução

Coordenadores dos projetos do GT (*PIs*): José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Ricardo Dobrovolski (UFBA), Sidney Feitosa Gouveia (UFS), Joaquin Hortal (MNCN/Madri), Ana Margarida Santos (Univ. Autonoma Madri)

A macroecologia é um programa de pesquisa criado mais formalmente a partir dos anos 1990, com o objetivo de entender sistemas ecológicos complexos a partir de variáveis sintéticas e avaliar estatisticamente padrões em grandes escalas de tempo e espaço. Esse programa de pesquisa tem gerado, desde então, um conjunto de conhecimentos sobre a estrutura e dinâmica desses sistemas, incluindo aspectos conceituais, possibilitando também a adoção de estratégias de conservação mais eficientes em grandes escalas espaciais. A atuação do grupo de trabalho em macroecologia e macroevolução do EECBio está pautada nas seguintes linhas de atuação: (i) aprimorar o entendimento da relação entre dados e teorias ecológicas e evolutivas em macroescala; (ii) integrar diferentes níveis hierárquicos em ecologia para investigar como processos ecológicos e evolutivos em níveis básicos se propagam para escalas macrecológicas; (iii) compreender e preencher lacunas de conhecimento sobre a biodiversidade; (iv) ampliar a aplicação de simulações e métodos computacionalmente intensivos em macroecologia; (v) investigar os padrões geográficos da influência humana sobre a biodiversidade em macroescala.

Os projetos desenvolvidos no GT, com seus principais resultados, estão descritos a seguir.

Resgate evolutivo e respostas adaptativas das espécies às mudanças climáticas

Os impactos das mudanças climáticas sobre os diferentes componentes da biodiversidade têm sido um dos temas mais importantes na pesquisa em ecologia e conservação nos últimos anos. Entretanto, os trabalhos resultantes desse programa de pesquisa, em geral, assumem que o nicho ecológico das espécies é estático ao longo do tempo. Porém, enquanto uma mudança climática pode causar extinção de algumas espécies, essa mesma mudança climática pode promover seleção natural e adaptação de características ecológicas de outras espécies. O objetivo desse projeto é desenvolver novos modelos mecanísticos combinando processos ecofisiológicos (i.e., tolerância térmica das espécies), populacionais e de genética evolutiva, para estimar o potencial adaptativo de diferentes espécies às mudanças climáticas em grandes escalas geográficas, no passado e no futuro. Espera-se, deste modo, realizar predições mais

precisas sobre os padrões de extinção em escala global em um contexto macroecológico. Certamente o projeto tem uma forte interação com os projetos do GT em “Modelos de Nicho e Mudança Climática”, de modo que a oficina sobre “Resgate Evolutivo”, realizada ainda em janeiro de 2018 envolveu pesquisadores dos diferentes GTs (Fig. 3.1.1).



Fig. 3.1.1. Oficina de trabalho em “Resgate Evolutivo” do EECBio, entre 28 e 30 de janeiro de 2018, na sala do EECBio, ICB, UFG.

O conceito geral de “resgate evolutivo” refere-se à possibilidade de adaptação Darwiniana rápida de populações sob forte efeito de estresse ambiental. Mais especificamente na oficina foram discutidos: 1) o conceito de resgate evolutivo e os modelos teóricos em genética evolutiva que têm sido utilizados para estudar esse processo; 2) a integração desses modelos teóricos com as técnicas de modelagem de nicho ecológico, em um contexto de mudança climáticas e alterações antrópicas da paisagem; 3) suas implicações para conservação da diversidade diante dessas mudanças, em diferentes escalas espaciais. Foram implementadas análises para algumas espécies de anfíbios, como organismos-modelo, e discutidas as possibilidades de expandir essas análises para uma escala global, definindo diversos subprojetos a serem realizados nos próximos anos neste tema. As primeiras análises resultantes do

workshop já foram realizadas e três artigos derivados explicitamente desse workshop já foram publicados no início de 2019, nos periódicos *Ecography* (A1), *Perspectives in Ecology & Conservation* (A2) e na *Frontiers of Biogeography* (2020, A4).

Em um primeiro momento, o arcabouço teórico-metodológico do modelo macroecológico de resgate evolutivo (Fig. 3.1.2), desenvolvido no workshop, foi revisado e discutido. Em resumo, a ideia é aplicar às populações situadas no "*trailing edge*" das espécies (i,.e., a região com as populações que serão extintas no futuro devido ao efeito das mudanças climáticas, já que estaria fora do envelope bioblimático atual) um modelo de genética evolutiva que permitir estimar a taxa de evolução do nicho, em Haldanes, e comparar essa taxa à taxa máxima sustentável, dada por um modelo téorico, e considerando a incerteza nos parâmetros. Com isso, é possível avaliar a probabilidade de que a taxa observada seja menor do que a máxima plausível, permitindo assim potencialmente avaliar a probabilidade de resgate evolutivo da população (o que implica, portanto, em adaptação biológica por mudança de nicho permitindo evitar extinções locais). Esse procedimento é aplicado às populações no *trailiing edge*, considerando também alguns parâmetros espaciais.

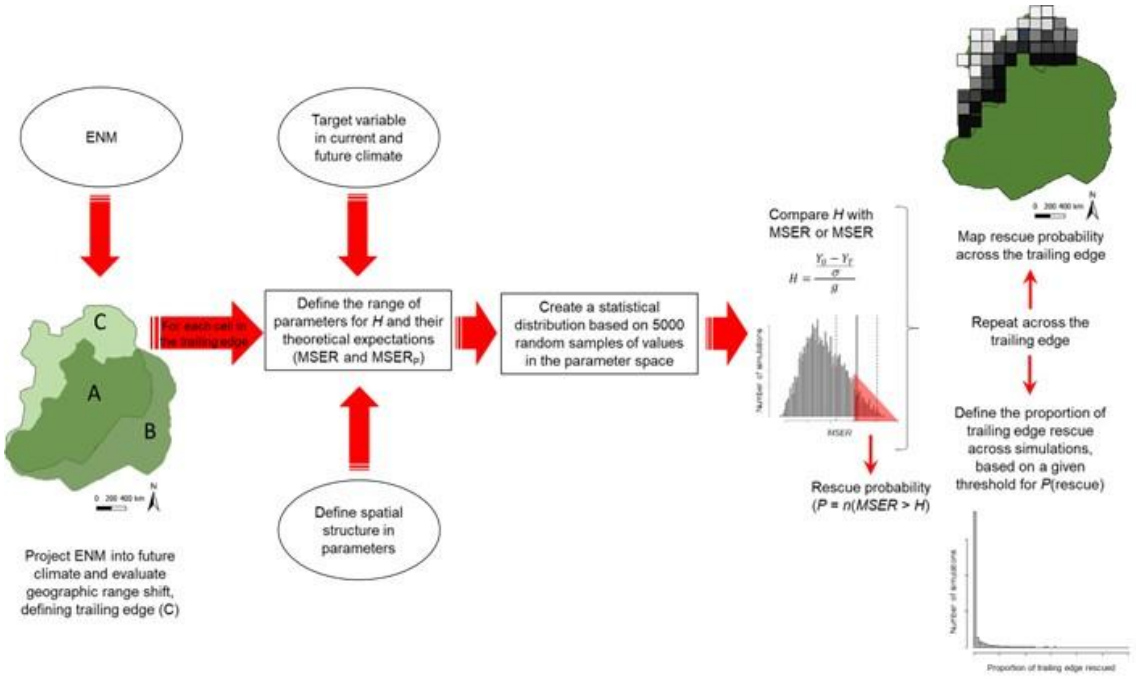


Fig. 3.1.2. Esquema conceitual proposto para realizar uma avaliação macroecologica do resgate evolutivo, proposto por Diniz-Filho et al. 2019a a partir do workshop do EECBio de 2018.

O arcabouço foi aplicado para uma espécie de anfíbio de ampla distribuição na região do Brasil central (*Rhinella diptycha)* (ver Diniz-Filho et al. 2019a) mostrando que,

sob um modelo usual de nicho ecológico, a distribuição da espécie seria reduzida em pouco mais de 85%, com uma retração da área de distribuição original da espécie em direção a sudeste. A temperatura média na região atual da espécie passaria de 23 para 27 graus centígrados, o que explica certamente a grande retração na distribuição geográfica (Fig. 3.1.3).



Fig. 3.1.3. Distribuição geográfica de R. diptycha, utilizada por Diniz-Filho et al. (2019) para demonstrar o protocolo da Fig. 3.1.2, considerando os dados de ocorrência (esquerda), modelada para o presente utilizando uma combinação de técnicas de ENM (centro) e projetada para o futuro, considerando mudanças climáticas globais estimadas por diferentes AOGCMs para 2100 (direita).

Entretanto, com a incorporação do componente de resgate ao modelo, a perda de distribuição poderia ser reduzida, já que a espécie seria capaz de se adaptar pelo menos às condições de borda da distribuição esperada pelos ENMs em 2100. Sob o modelo de resgate, haveria uma probabilidade em torno de 10% de que algumas populações nessas regiões não se extingam (podendo chegar a valores bem mais elevados nas bordas se o efeito da plasticidade fenotípica for incorporado) (Fig. 3.1.4).

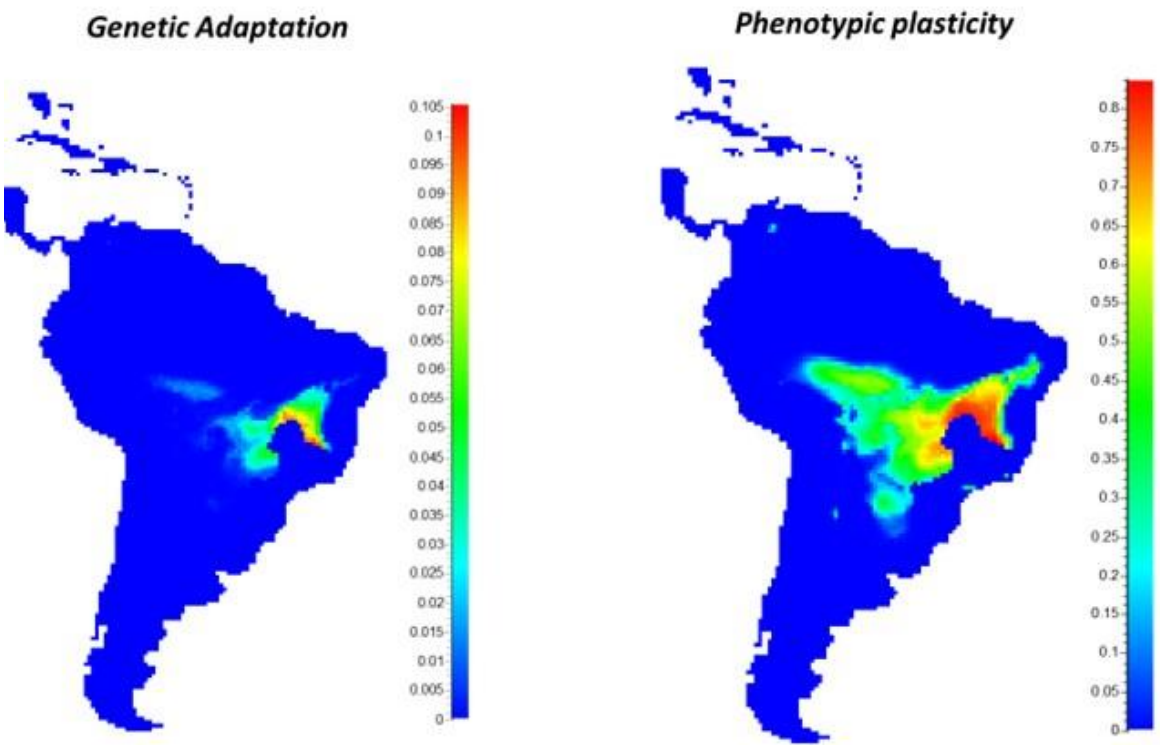


Fig. 3.1.4. Probabilidades de resgate evolutivo no mapa do "trailiing edge" de R. diptycha *a partir do modelo de resgate evolutivo considerando efeitos genéticos (esquerda) e de plasticidade fenotípica (direita).*

Uma vez estabelecido o arcabouço para análises macroecológicas do resgate evolutivo, o próximo desafio é aplicá-lo para milhares de espécie a fim de avaliar de forma mais dinâmica e evolutivamente coerente o efeito das mudanças climáticas sobre a biodiversidade. Uma análise preliminar e utilizando uma versão mais simples do protocolo, baseada apenas no centro dos nichos das espécies (não sendo, portanto, espacialmente explícito) foi realizada por Souza et al. (2020), para diferentes cenários futuros de mudança climática. Para o cenário de emissão pessimista RCP8.5, a probabilidade de resgate evolutivo em picos de temperatura é superior a 0,95 para apenas 12% das espécies. Quando a plasticidade é incorporada, esse cenário se torna mais otimista, com cerca de 44% das espécies sendo capazes de mudar seus picos térmicos acompanhando o aquecimento futuro e evitando a extinção. Esses números não são aleatórios no espaço geográfico, e o resgate evolutivo seria diferente nos trópicos, principalmente na América do Sul (Amazônia), partes da África, Indonésia e região do Mediterrâneo (3.1.5). Dada a incerteza nos parâmetros demográficos e genéticos para as respostas das espécies às mudanças climáticas, é importante chamar atenção que continua sendo difícil avaliar o realismo da generalização macroecológica e a plausibilidade dos eventos de resgate. Análises em andamento sugerem que o efeito

da dispersão (que é limitada pela ocupação humana) podem ser mais importantes do que o resgate, em termos de maximizar a persistência das espécies.

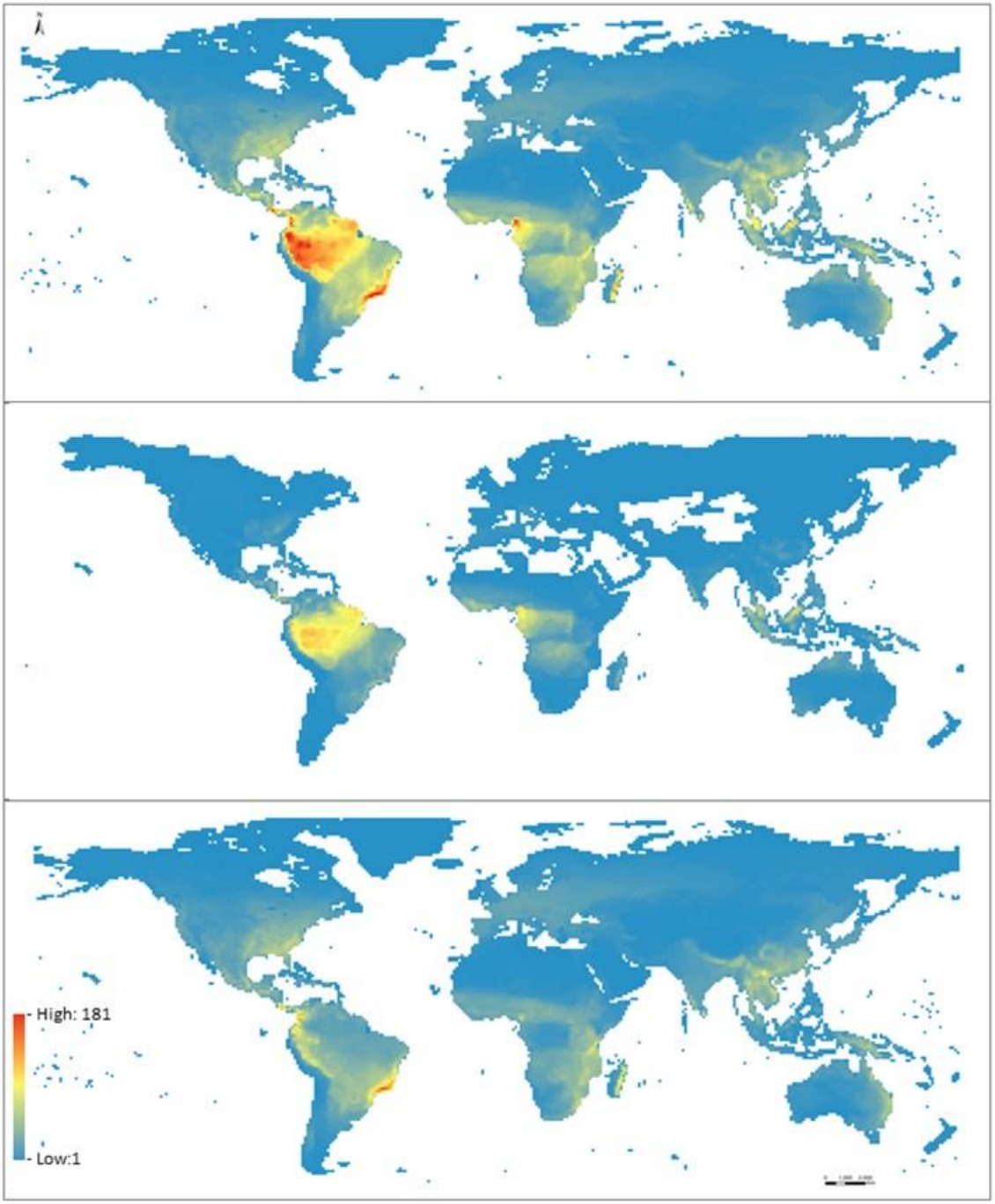


Fig. 3.1.5. Riqueza global de espécies de anfíbios estimada pela sobreposição de distribuições geográficas atuais (acima), riqueza predita para o future excluindo espécies com baixa probabilidade de resgate evolutivo (centro) e riqueza considerando apenas as espécies com alta probabilidade de resgate evolutivo (abaixo).

Esses resultados globais foram subsequentemente expandidos utilizando-se modelos espacialmente explícitos e incorporando também um componente de dispersão e ocupação humana em escala global. Seguindo o trabalho anterior, a ideia foi empregar uma abordagem macroecológica para modelar dinamicamente mudanças de distribuição geográfica, acoplando os ENMs e mecanismos eco-evolutivos, com o objetivo de avaliar a probabilidade de resgate evolutivo (ou seja, adaptação rápida) e dispersão sob as mudanças climáticas (Souza et al. 2023). As análises foram realizadas para as espécies de anfíbios em escala global, estimando a probabilidade de persistência populacional rastreando adaptativamente as mudanças na temperatura média para as décadas seguintes (i.e., considerando os mecanismos ecofisiológicos relacionados às perdas de água e calor) e, simultaneamente, a possibilidade de dispersão para células vizinhas ambiental adequadas ao nicho climática de cada espécie, compensando assim a redução da aptidão e mantendo populações viáveis nos novos climas futuros. Além disso, foram avaliados os padrões emergentes de riqueza e substituição de espécies no nível da assembleia, utilizando-se o desdobramento de componentes de riqueza (aninhamento) e turnover de espécies. Os padrões filogenéticos de tolerância à temperatura foram obtidos a partir das distribuições das espécies para espécies com distribuição ampla e interpolados filogeneticamente para espécies de distribuição mais restrita.

As novas análises foram capazes de identificar quais populações de anfíbios, dentro das suas áreas de distribuição geográfica e para as 7193 espécies descritas, poderiam adaptar-se às mudanças de temperatura ou dispersar para regiões adequadas no futuro. Sem adaptação evolutiva e dispersão, cerca de 47,7% das espécies seriam extintas até ao ano 2100, ao passo que a adição de ambos os processos (i.e., adaptação e dispersão) diminuirá ligeiramente esta taxa de extinção para 36,5%. Embora a adaptação ao clima seja possível para populações em cerca de 25,7% das espécies, o resgate evolutivo é a única opção para evitar a extinção em 4,2% delas. A dispersão permitirá potencialmente mudanças na distribuição geográfica e a persistência de 49,7% das espécies, mas apenas 6,5% poderão evitar a extinção ao alcançar ambientes climáticos adequados. Esta reconfiguração da persistência e distribuição das espécies deverá criar novos padrões ao nível da assembleia à escala regional (Figs. 3.1.6 e 3.1.7). A maior parte da diversidade beta temporal em todo o mundo se deve à perda de espécies, com níveis relativamente baixos de renovação temporal de espécies (Fig. 3.1.8). Apesar das limitações, essas novas análises mostram que a abordagem proposta para entender o potencial de resgate evolutivo pode ser aprimorado no sentido de fornecer avaliações mais realistas da resposta das espécies às mudanças em curso. Os resultados mostram que, em resumo, embora a dispersão

e o resgate evolutivo possam atenuar as perdas de espécies, não são suficientes para evitar contrações significativas na distribuição geográfica das espécies no futuro. Aumentar a resiliência da biodiversidade às alterações climáticas requer ações que garantam um maior potencial de adaptação (por exemplo, diversidade genética através de populações maiores) e dispersão de espécies para rastrear climas adequados através do reforço da conectividade.

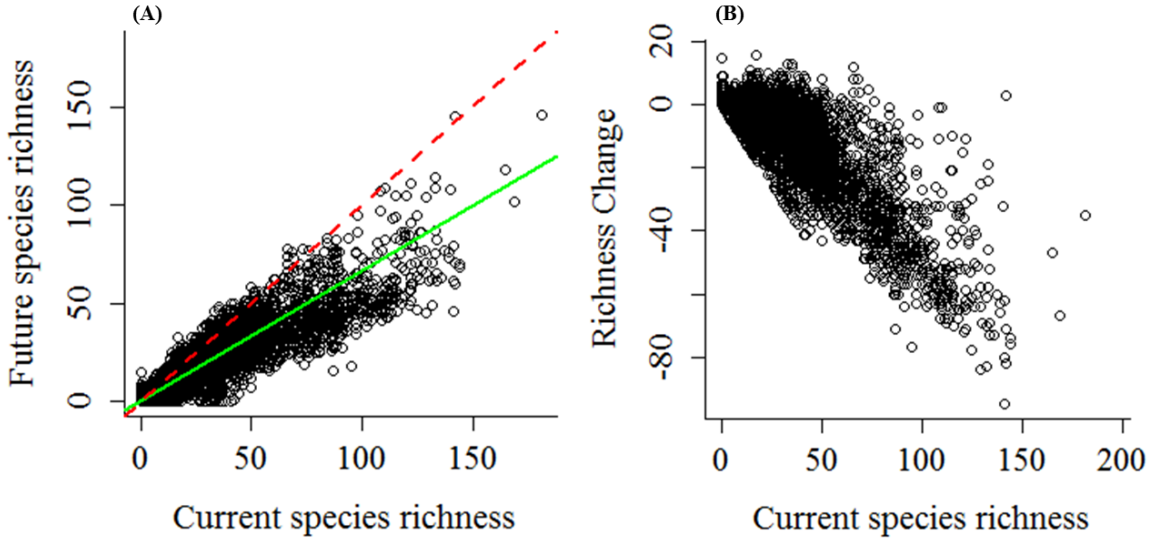


Fig. 3.1.6. (A) Relação entre riqueza atual e futura. Linha tracejada vermelha (intercepto = 0 e inclinação= 1). Linha sólida verde (intercepto = 0; riqueza= 0,615). (B) mudança em riqueza com perdas e ganhos em número de espécies.

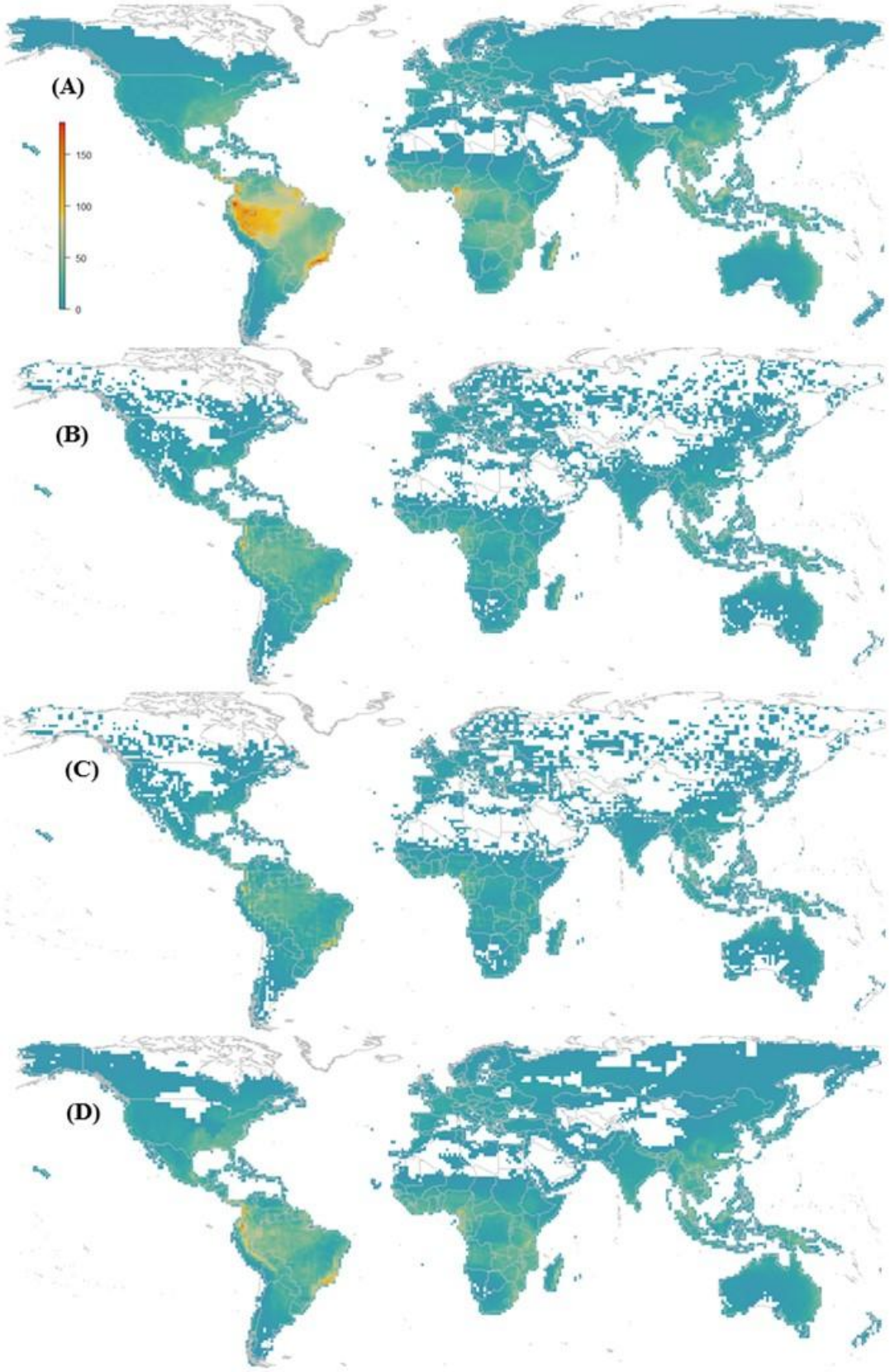


Fig. 3.1.7. Padrão global de diversidade de anfíbios (A) Riqueza atual de espécies (máx. 181 spp.); (B) Região estável (máx. 118 ssp.); (C) Região estável e "Leading edge", máximo 132; e (D) Riqueza futura de espécies com expansão e resgate evolutivo, máximo 146.

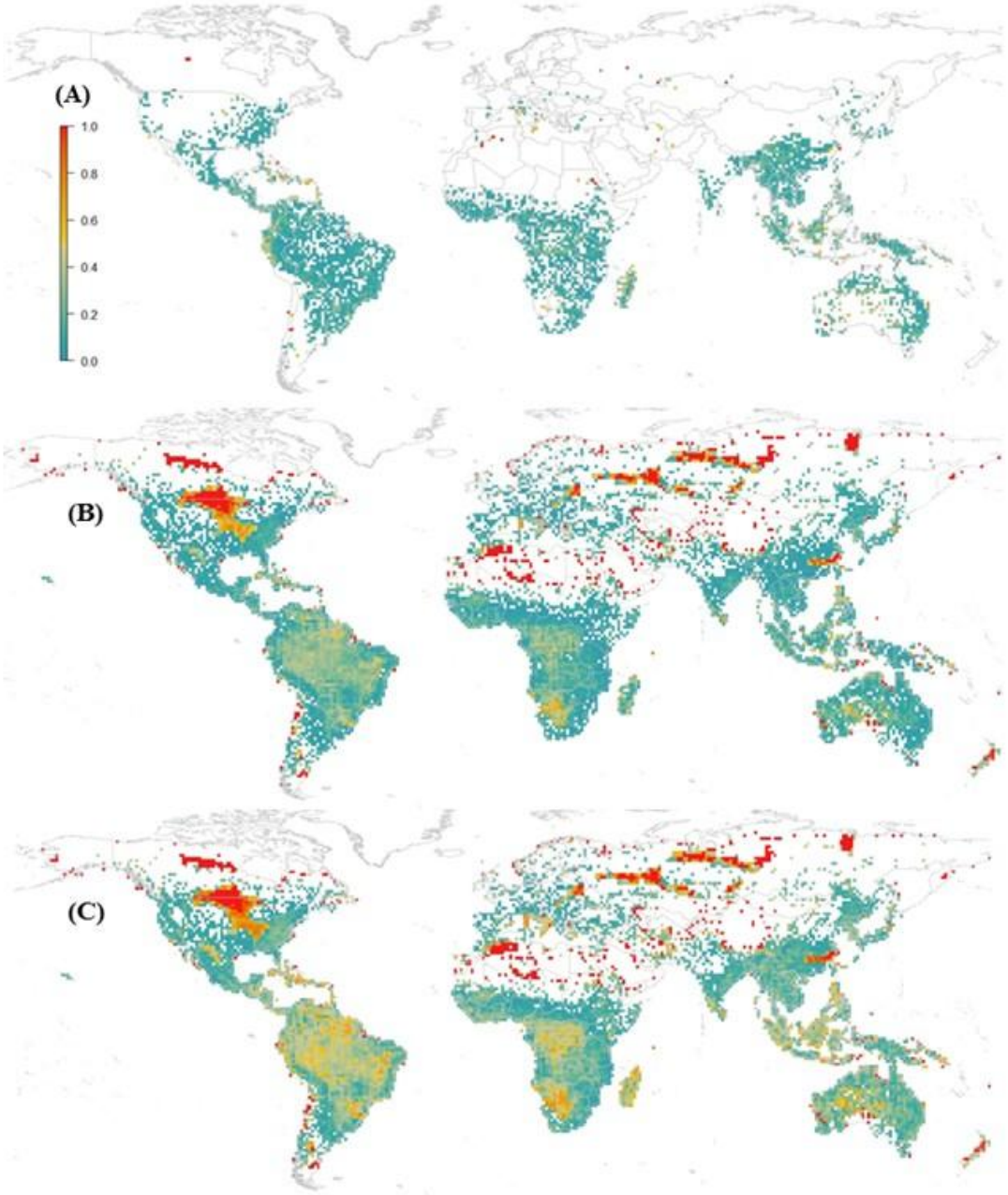


Fig. 3.1.8. Padrões especiais de diversidade beta temporal, incluindo (A) a mudança composicional total, βsim, (B) o aninhamento - βsne e (C) turnover - βsor, com βsim e βsne variando entre βsor e 0.

Outros trabalhos envolvendo o resgate evolutivo continuam sendo desenvolvidos no grupo, e algumas análises sendo finalizadas incluem a utilização de espécies virtuais com nicho conhecido para avaliar o funcionamento dos modelos em dois *hotspots* de biodiversidade do Brasil, o Cerrado e a Mata Atlântica. Resultados preliminares (Fig. 3.1.9) mostram que as mudanças climáticas terão um impacto maior na parte oeste e central do Cerrado.

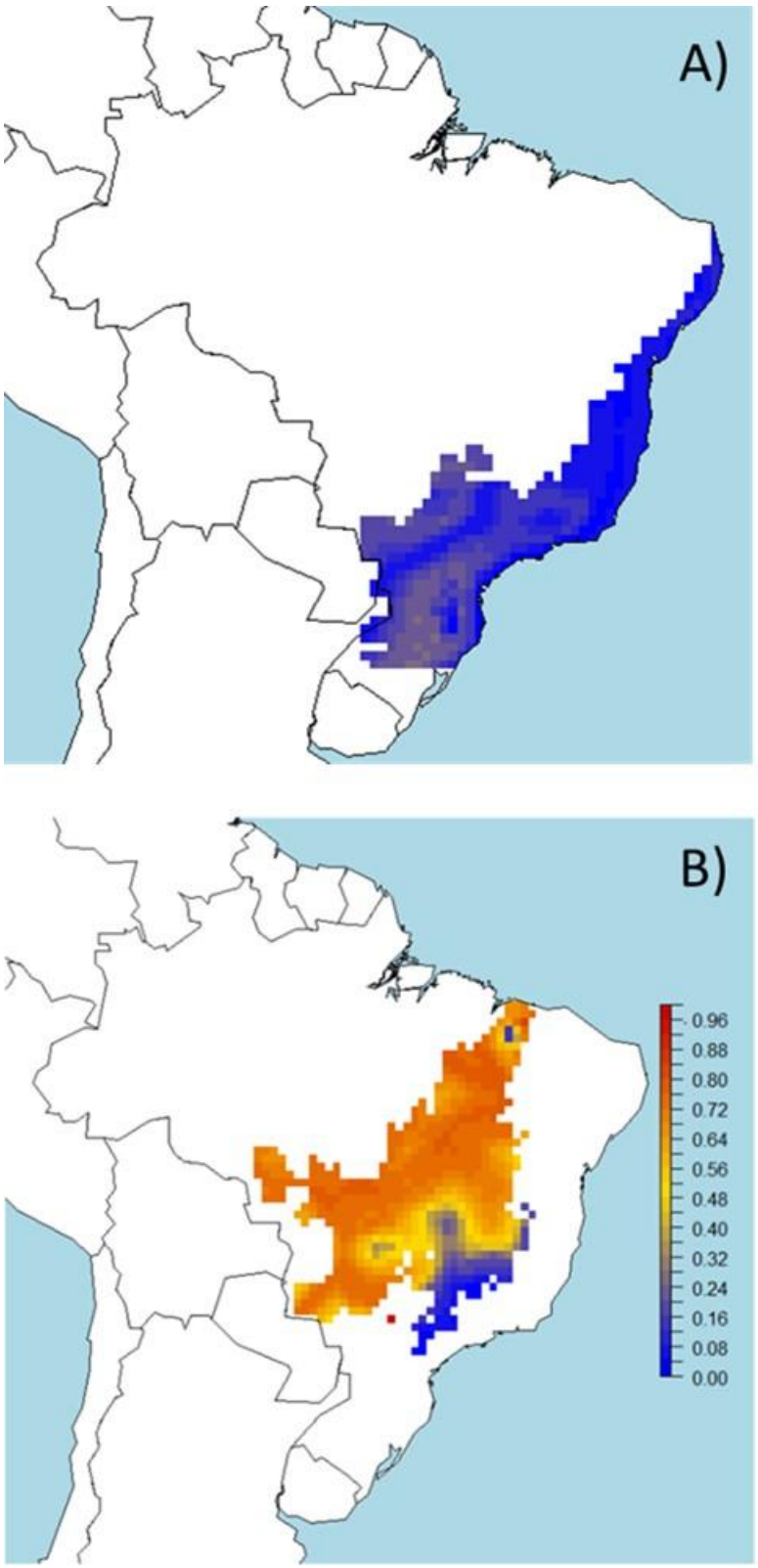


Fig. 3.1.9. Proporção de espécies virtuais perdidas em assembleias na Mata Atlântica (A) e no Cerrado (B).

Integrando mecanismos fisiológicos a padrões geográficos da biodiversidade

Uma das principais lacunas do conhecimento sobre fenômenos ecológicos em grandes escalas espaciais e temporais (i.e., macroecológicos) consiste em entender como princípios básicos em nível de indivíduos repercutem em escalas geográficas. Esses princípios incluem propriedades físicas da matéria como sua geometria, processos termodinâmicos, hidrodinâmicos e metabólicos. Neste plano de trabalho, buscamos combinar conceitos e técnicas de modelagem matemática, ecofisiologia e macroecologia para investigar como esses princípios fundamentais transcendem do nível dos indivíduos para níveis ecológicos em macroescala. Padrões identificáveis desta estruturação, envolvendo diferentes níveis de organização e escalas, podem ser refletidos em padrões de distribuição geográfica, de variação morfológica e ecológica, de diversificação de espécies e de interações ecológicas. Assim, compreender as implicações e determinantes das relações entre fenômenos microscópicos e macroscópicos nos permite entender o efeito de condições e mudanças ambientais sobre a biodiversidade global.

O projeto "*Integrando mecanismos fisiológicos a padrões geográficos da biodiversidade*", sob a coordenação de Sidney Gouveia, tem desenvolvido e implementado alguns modelos matemáticos capazes de predizer padrões ecológicos e geográficos de diversos organismos, com ênfase para vertebrados terrestres. Realizamos duas reuniões na UFS em 2018 e 2019 (e.g., Fig. 3.1.10), em conjunto com o projeto ECOPHYSICA do Serrapilheira e com o projeto "*Atualidades em Macroecologia*" apoiada pela Escola de Altos Estudos da CAPES (2019). O ponto principal da discussão foi entender como princípios básicos em nível de indivíduos, incluindo propriedades físicas dos sistemas organismo-meio, incluindo balanços de energia (temperatura) e massa (água), e de parâmetros microclimáticos das áreas de ocorrência das espécies, podem ser integrados para entender padrões ecológicos em grandes escalas espaciais e temporais, bem como sua dinâmica em um contexto evolutivo.



Fig. 3.1.10. Oficina de trabalho do projeto "Ecophysica" do EECBio, entre 4 e 6 de abril de 2019, na UFS (Aracaju, Sergipe), com financiamento compartilhado com o Instituto Serrapilheira e Escola de Altos Estudos da CAPES.

No evento, foram discutidas diversas ideias, sendo que muitas delas já foram concretizadas em artigos científicos. Destes, seis já foram publicados em periódicos internacionais (Correia et al. 2020, 2023; Castro et al. 2021; Andrade et al. 2021; Oliveira et al. 2021; Barreto et al. 2022) e outros estão em diferentes fases de revisão.

Outro artigo resultado direto do workshop de 2019 já foi publicado no importante periódico *PNAS* (Rubalcaba et al. 2022), o que mostra o potencial de inovação dessa abordagem. O trabalho propõe uma nova abordagem para analisar padrões macroecológicos (i.e., incluindo regra de Bergmann) a partir de princípios físicos e ecofisiológicos fundamentais e estabelece as bases mecanísticas do modo de evolução morfológica em morcegos, a qual contrasta com os padrões observados em outros endotérmicos, resolvendo assim um antigo debate sobre a conformidade dos morcegos com os padrões ecogeográficos observados em outros mamíferos, No estudo, desenvolvemos um modelo biofísico baseado em transferência de calor e princípios aerodinâmicos para investigar restrições de energia na evolução morfológica em morcegos, prevendo que os custos de energia de termorregulação e do voo, respectivamente, impõem limites superiores e inferiores na relação da área da superfície da asa com a massa corporal (S-MR), dando origem a um S-MR ideal em que ambos os custos de energia são minimizados. Uma análise comparativa de 278 espécies de morcegos apoia fortemente a previsão do modelo de que S-MR evolui em direção a um atrator e que a intensidade de seleção em um modelo "O-U" ajustado aos dados é maior

entre as espécies que experimentam maiores demandas de energia para termorregulação em climas frios. Embora a ligação física entre a morfologia e o equilíbrio energético para explicar por que o tamanho e a forma do corpo de muitos organismos variam entre os gradientes climáticos (por exemplo, porque endotérmicos maiores são mais comuns em regiões mais frias) tenha sido percebida há muito tempo, poucos exercícios de modelagem visaram investigar essa ligação a partir desses princípios básicos.

Em agosto de 2019, os Profs. Sidney Gouveia (UFS) e Carlos Navas (USP) realizaram outro Workshop para discutir a elaboração de um estudo sobre o conceito de preferência termal em anuros e realizar análises desses dados fisiológicos em um contexto de métodos comparativos filogenéticos, contando com a participação do Prof. Dr. Leonardo Bacigalupe (Universidad Austral de Chile). O estudo (Navas et al. 2021), publicado no periódico *Comparative Biochemistry and Physiology – B*, apresenta uma revisão bibliográfica não sistemática do uso de conceitos ligados à seleção de condições térmicas por anfíbios e testa a hipótese de relação entre a temperatura selecionada e parâmetros dos gradientes térmicos usados em experimentos. Especificamente, o estudo mostra a influência dos gradientes térmicos sobre as temperaturas selecionadas pelas espécies com o intuito de ilustrar como essa influência afeta a definição de 'preferência térmica' em anfíbios. Ou seja, como a seleção da temperatura é influenciada por parâmetros dos gradientes, a noção de temperatura preferida não pode ser automaticamente deduzida da temperatura selecionada e requer investigações complementares, incluindo aspectos comportamentais dos indivíduos testados.

Ainda em 2019, e seguindo nessa linha de investigação de integrar mecanismos físicos a padrões macroecológicos, o Prof. Sidney organizou o Simpósio '*Applications of theoretical physics to ecology*', durante a Conferência Mundial de Modelagem Ecológica (22nd Biennial Conference of The International Society for Ecological Modelling, ISEM), em Salzburg, Áustria. O simpósio contou com a participação de pesquisadores de Portugal, Espanha e Rússia, teve uma resposta muito positiva da audiência, e resultou na publicação de um artigo no periódico *Ecological Modelling* (Gouveia et al. 2020). O artigo apresenta diferentes abordagens da física teórica, incluindo física clássica, física estatística e física quântica, com potencial de aplicação em biogeografia e macroecologia e desenvolver o campo através de uma abordagem dedutiva matemática.

Continuando com a temática, um novo estudo do grupo e decorrente deste projeto específico foi publicado no prestigiado periódico *Nature Ecology & Evolution* (Rubalcaba et al. 2023). O estudo emprega a abordagem mecanística baseada em

princípios físicos, associada a análises comparativas filogenéticas, para investigar a o efeito da temperatura sobre a variação geográfica de atributos funcionais ligados a adaptações termais de lagartos. Especificamente, o estudo mostra como o clima determina a direção e a pressão seletiva sobre o tamanho corporal, absorbância da pele, habilidade termoregulatória, tolerância ao frio e temperaturas preferidas de lagartos em escala macroevolutiva. A relação desses atributos sobre maior pressão seletiva em climas mais frios, de modo que em regiões tropicais há um relaxamento nas pressões, permitindo uma maior diversidade fenotípica das espécies.

Em uma outra aplicação de modelos mecanísticos aplicados a animais ectotérmicos, um outro estudo já está submetido e em fase de revisão (*Ecography*). Neste estudo, resultado da colaboração entre o Prof. Sidney Gouveia e pesquisadores da UNESP-Rio Claro (Luiz Miguel Senzano e Denis Andrade), modelos mecanísticos de balanço de calor e água foram integrados a dados empíricos de performance térmica e hídrica de anfíbios, obtidos em laboratório e em campo, para investigar os fatores que limitam a distribuição e a atividade de espécies do gênero *Leptodacylus* do sudeste do Brasil.

Em um novo estudo, também já submetido e em fase de revisão, é proposta uma nova explicação para a regra de Allen. A regra de Allen consiste em um padrão empírico proposto por Joseph Allen há cerca de 150 anos e que sugere que o comprimento dos apêndices (e.g., membros, cauda, bico e orelha) dos animais endotérmicos (aves e mamíferos) pode variar ao longo de gradientes de temperatura como resultado de uma adaptação para controlar a perda de calor corporal. A regra propõe que apêndices mais longos favorece a dissipação de calor e seja mais comum em populações de espécies de climas mais quentes e apêndices mais curtos seriam favorecidos em climas mais frios. Essa regra tem sido bastante investigada entre humanos como uma possível causa das diferenças morfológicas entre populações inuítes (de zonas polares), neandertais e de outras populações humanas em ambientes mais quentes. Contudo, a explicação dominante para o padrão foi proposta muitas décadas depois, e propõe que o aumento dos membros resulta em um aumento da superfície dos membros, o que levaria a maior dissipação de calor. No novo estudo, liderado pelo prof. Sidney Gouveia, essa explicação é contestada com base em princípios geométricos e físicos da transferência de calor. Especificamente, é demonstrada que há uma contradição da explicação predominante envolvendo o aumento da superfície. Isso decorre do fato de que o aumento da superfície (numa exponencial quadrático) resultante do alongamento também é acompanhado por um aumento no volume (numa exponencial cúbica), o que pode na verdade resultar numa menor dissipação relativa. Além de expor a contradição

na hipótese vigente, o estudo propõe uma nova hipótese, inspirada na lei de convecção de Fourier, que estabelece como ocorre a perda de calor em uma estrutura alongada (como os apêndices) em função do gradiente de temperatura criado entre regiões que produzem calor metabólico (termogênicas) e regiões que perdem calor (termolíticas). As regiões termogênicas são localizadas em tecidos adiposos marrons (BAT) de mamíferos e em tecido muscular esquelético em aves. Empregando análises comparativas filogenéticas, o estudo corrobora a nova hipótese, podendo assim redefinir o conhecimento do mecanismo por trás de um padrão estudado a quase 150 anos e tem repercussões importantes sobre a compreensão da evolução morfológica de animais, inclusive de humanos.

Ainda relacionado a regras ecogeográficas, outro estudo, liderado pelo prof. Sidney Gouveia, em fase final de preparação propõe uma nova regra ecogeográficas entre anfíbios. A nova regra geográfica é derivada de modelos matemáticos desenvolvidos em outro estudo do grupo, já no contexto do INCT EECBio (Gouveia et al. 2019). Esse modelo estabelece como a sensitividade da resistência cutânea à evaporação, obtida a partir de um sistema de equações diferenciais parciais (EDP), pode resultar num gradiente geográfico desse atributo fisiológico entre anfíbios anuros. De acordo com a proposta, a resistência cutânea, que é uma característica fisiológica das espécies, varia positivamente com o gradiente de evapotranspiração potencial ao longo do espaço geográfico, dependendo do substrato em que vivem as espécies. Esse estudo é um exemplo importante do valor heurístico dos modelos mecanísticos baseados em funções biofísicas para o descobrimento e elucidação de novos fenômenos ecológicos e evolutivos.

No momento, dois novos artigos nessa linha de pesquisa estão em fase de preparação. Em um deles, formulamos uma série de equações diferenciais parciais (EDPs) que descrevem a sensitividade de diferentes atributos termofísicos de mamíferos (massa, superfície e isolamento térmico da pelagem) aos gradientes de temperatura. Essas equações predizem a expectativa teórica da manifestação de regras ecogeográficas (Regra de Bergmann, relacionada ao volume, Regra de Allen, relacionada à superfície, e Regra de Sholander, relacionada ao isolamento térmico). Em outro estudo, estamos integrando modelos mecanísticos ao problema das lacunas de conhecimento da biodiversidade para entender como a falta de conhecimento sobre parâmetros da biologia térmica das espécies (incluindo atributos biofísicos, fisiológicos e comportamentais) pode comprometer nossa capacidade de prever as respostas das mudanças climáticas sobre as espécies.

Além dos produtos acadêmicos, nesses últimos anos, essa linha de pesquisa contribuiu com a formação de recursos humanos em níveis de graduação e pós-graduação, incluindo seis projetos de iniciação científica, dois TCC, duas dissertações de mestrado e uma tese doutorado na UFS.

Novas abordagens para entender a evolução rápida de caracteres das espécies: de ilhas a fragmentos

Parte do entendimento atual dos processos ecológicos e evolutivos que moldam a diversidade vêm de estudos desenvolvidos em ilhas. De fato, vários sistemas terrestres foram estudados no contexto da "teoria de equilíbrio da biogeografia de ilhas" de MacArthur & Wilson, que serviu de base conceitual para muitos trabalhos sobre os impactos ecológicos da fragmentação dos habitats. Atualizações recentes desta teoria levam em conta a história geológica da ilha e alterações no nivel do mar. As espécies presentes em ilhas são o resultado de processos de imigração, extinação e especiação, destacando-se os eventos de especiação na forma de radiações, onde a partir de um único ancestral surge um conjunto de novas espécies que exibem diferentes características com as quais podem explorar ambientes divergentes. Neste contexto, em alguns grupos animais parece haver uma tendência para as espécies endêmicas das ilhas evoluírem para um tamanho corporal médio. Este padrão é conhecido como regra da ilha e atualmente ainda se encontra em debate a sua generalidade e os seus determinantes.

Esses temas foram discutidos em agosto de 2018, ocorreu a oficina sobre "Novas abordagens para entender a evolução rápida de caracteres das espécies: de ilhas a fragmentos", coordenada pela Dra. Ana Margarida Santos (Univ. Alcalá, Madri) e José Alexandre Diniz-Filho (UFG). Partindo de ilhas oceânicas como o sistema de base, no workshop se discutiram os processos principais que levam à evolução de traços, sintetizando-se e identificando-se as lacunas no conhecimento atual. Para além disso, se analisou também como todo o conhecimento acumulado para ilhas oceânicas pode ser transladado para outros tipos de ilhas e até para fragmentos de habitats. Finalmente, se discutiram quais as aproximações analíticas e empíricas que permitem estudar estas questões.

O subgrupo ligado ao nível de "populações" do workshop elaborou, em diversas reuniões subsequentes, um modelo de simulação integrado, implementado em *R*, envolvendo uma série de parâmetros ecológicos, demográficos, genéticos e evolutivos e capaz de permitir a análise de padrões de evolução rápida em ilhas, já tendo sido

aplicado em diferentes situações. O modelo foi inicialmente aplicado ao *Homo floresiensis*, um caso bastante emblemático em biogeografia de ilhas por aplicar a "regra das ilhas" em um contexto de evolução humana (Diniz-Filho et al. 2019b). O modelo permitiu mostrar que essa evolução a partir de um ancestral *H. erectus* pode ter ocorrido realmente de forma bastante rápida (i.e., em apenas 5000-7000 anos; Fig. 3.1.11) considerando valores realistas dos diversos parâmetros genéticos e demográficos (um artigo de divulgação sobre essa aplicação foi publicado no blog internacional de divulgação científica "The Conversation", intitulado *Fast evolution explains the tiny stature of extinct 'Hobbit' from Flores Island*; ver https://theconversation.com/fast-evolution-explains-the-tiny-stature-of-extinct-hobbit-from-flores-island-124747).

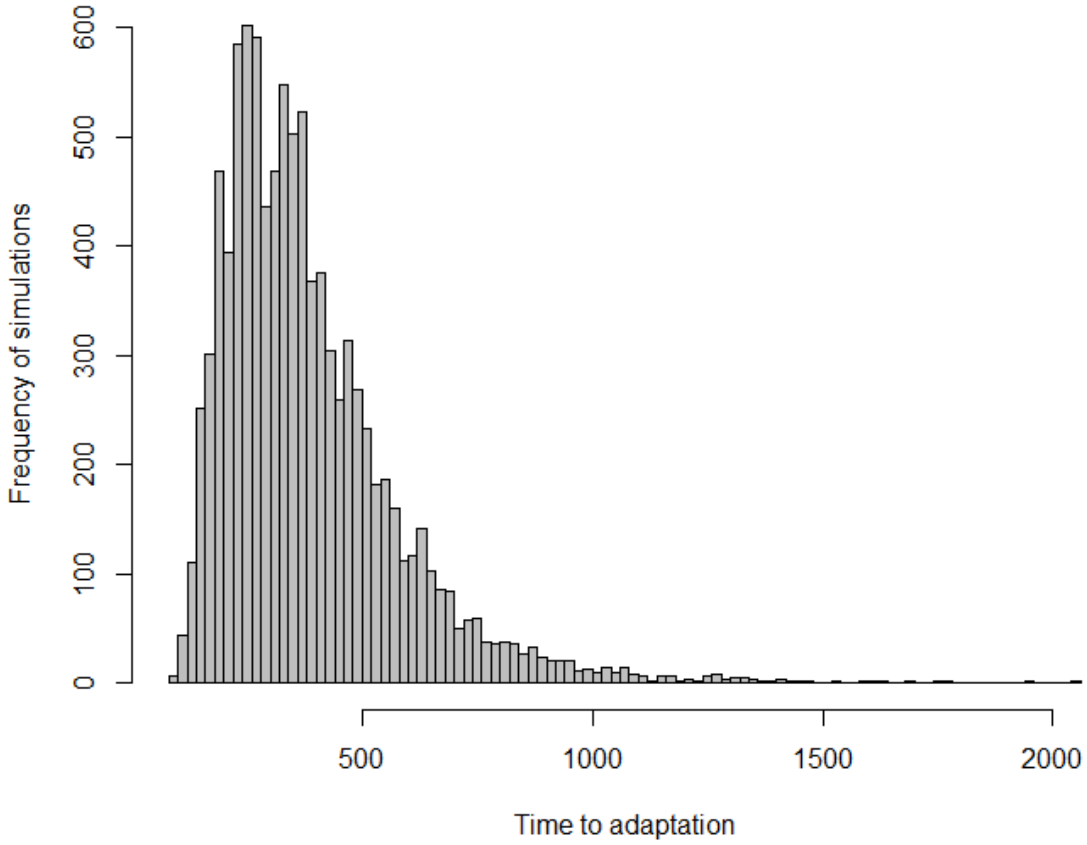


Fig. 3.1.11. Distribuição dos tempos para adaptação de Homo floresiensis *a partir de um ancestral* H. erectus, *obtida por um IBM desenvolvido no workshop do EECBio (ver Diniz-Filho et al. 2019b).*

Uma segunda aplicação foi recentemente publicada no *Journal of Blogeography* (Diniz-Filho et al. 2021a) e envolveu a análise da evolução rápida de populações extintas de *Cervus elaphus* em uma das ilhas do canal da Mancha. A aplicação é semelhante à de *H. floresiensis*, mas possui a vantagem de ser possível uma calibração da velocidade

de evolução pelos registros fósseis disponíveis e por permitir uma melhor calibração dos parâmetros demográficos em função do conhecimento sobre as mudanças na área da ilha. As análises permitiram concluir que, em mais de 85% das simulações, a redução de tamanho médio de quase 8% entre as populações do continente e da ilha de Jersey seriam plausíveis em menos do que 9000 anos, o intervalo sugerido pelas características geológicas e geomorfológicas da ilha (Fig. 3.1.12).

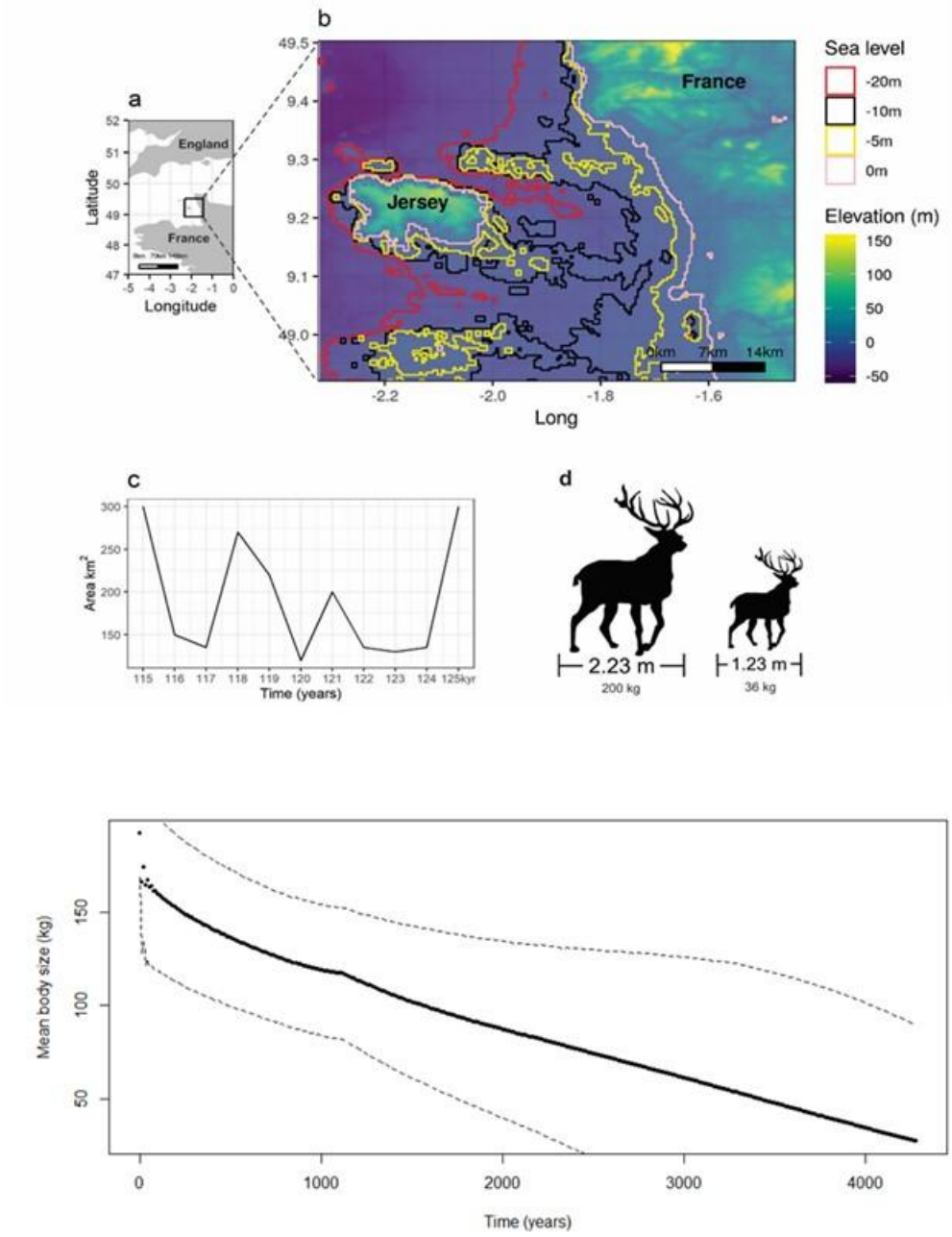


Fig. 3.1.12. Uma análise utilizando o mesmo IBM para o caso clássico de Cervus *na ilha Jersey (acima), considerando a dinâmica geomorfológica do canal da Mancha e os dados paleontológicos-arqueológicos para definir a plausibilidade da trajetória de redução de tamanho ao longo do tempo (abaixo) (ver Diniz-Filho et al. 2021a).*

Outras aplicações do modelo estão sendo realizadas, agora novamente no sentido de realizar análises de fauna em macroescala, envolvendo muitas espécies. Finalmente, uma discussão ocorrida recentemente e publicada na *Ecology Letters* (i.e., Diniz-Filho et al. 2021), um dos mais importantes periódicos científicos na área de Ecologia, envolve justamente o desenvolvimento de modelos nulos de simulação que sejam realisticamente aplicados a múltiplas espécies (Fig. 3.1.13).

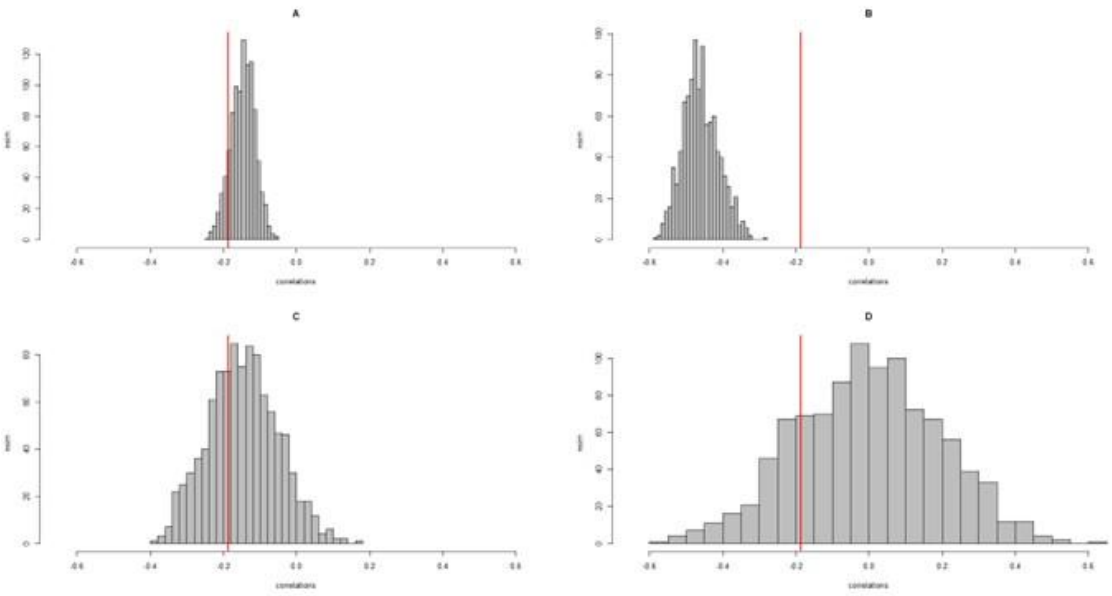


Fig 3.1.13. Distribuições estatísticas da correlação entre a proporção da massa corporal da ilha com a massa corporal do continente (log) sob vários modelos: (A) um modelo de randomização que aleatoriza os pares de espécies da ilha do continente; (B) modelo proposto por B & B, com desvio padrão dado por 1/100 da faixa de tamanho do corpo do continente para o processo de deriva; (C) uma modificação do modelo B & B em que o desvio padrão é dado para cada espécie, com base em um coeficiente de variação de 5%, e; (D) um modelo Mutation-Drift-Equilibrium (MDE), estimado por equações de genética quantitativa evolutiva onde a quantidade de deriva ao longo de 20 mil anos é alométrica e direcionada pelo tempo de geração e pelo tamanho efetivo da população Ne. A linha vermelha é o valor observado para um conjunto de 82 pares de espécies de mamíferos em sistemas ilha-continente. Em todas as situações a correlação observada de -0,18 não difere das expectativas nulas (A) ou neutras (C e D), exceto no modelo B&B, para o qual a correlação observada é superior ao esperado (ver Diniz-Filho et al. 2021b).

Macroecologia Humana: buscando entender os padrões socioecológicos em múltiplas escalas

A espécie humana é apenas mais uma entre as milhões de espécies existentes. No entanto, suas características e sua história a tornaram capaz de influenciar

processos ecológicos globais como os ciclos biogeoquímicos e a distribuição da biodiversidade. As consequências dessa influência têm sido mais frequentemente abordadas em estudos de Ecologia e Conservação, que as suas causas. Aqui nosso objetivo é entender a Humanidade enquanto *variável resposta*. Entender as relações de causa e efeito entre a humanidade e os demais componentes da natureza pode contribuir tanto para entender os padrões socioecológicos atuais quanto para a orientar a transição para a sustentabilidade. Assim o objetivo desse projeto é aplicar a abordagem macroecológica e macroevolutiva (comparativa, estatística e focada em amplas escalas de tempo, espaço e diversidade biológica) em processos-chave da dinâmica socioecológica humana ao longo do tempo e do espaço (e.g. variação da abundância humana, transições de modo de produção, conversão de habitat e colapsos ambientais). Nosso método de investigação tem incluído a revisão de aspectos conceituais, modelos de simulação computacional e modelos estatísticos aplicados em diferentes escalas espaciais.

Em outubro de 2018 ocorreu a oficina de “Macroecologia Humana”, coordenada por Ricardo Dobrovolski (Fig. 3.1.14), para discutir a aplicação de abordagens macroecológicas ao entendimento dos processos associados à espécie humana e, a partir dela, diversos estudos vêm sendo realizados.

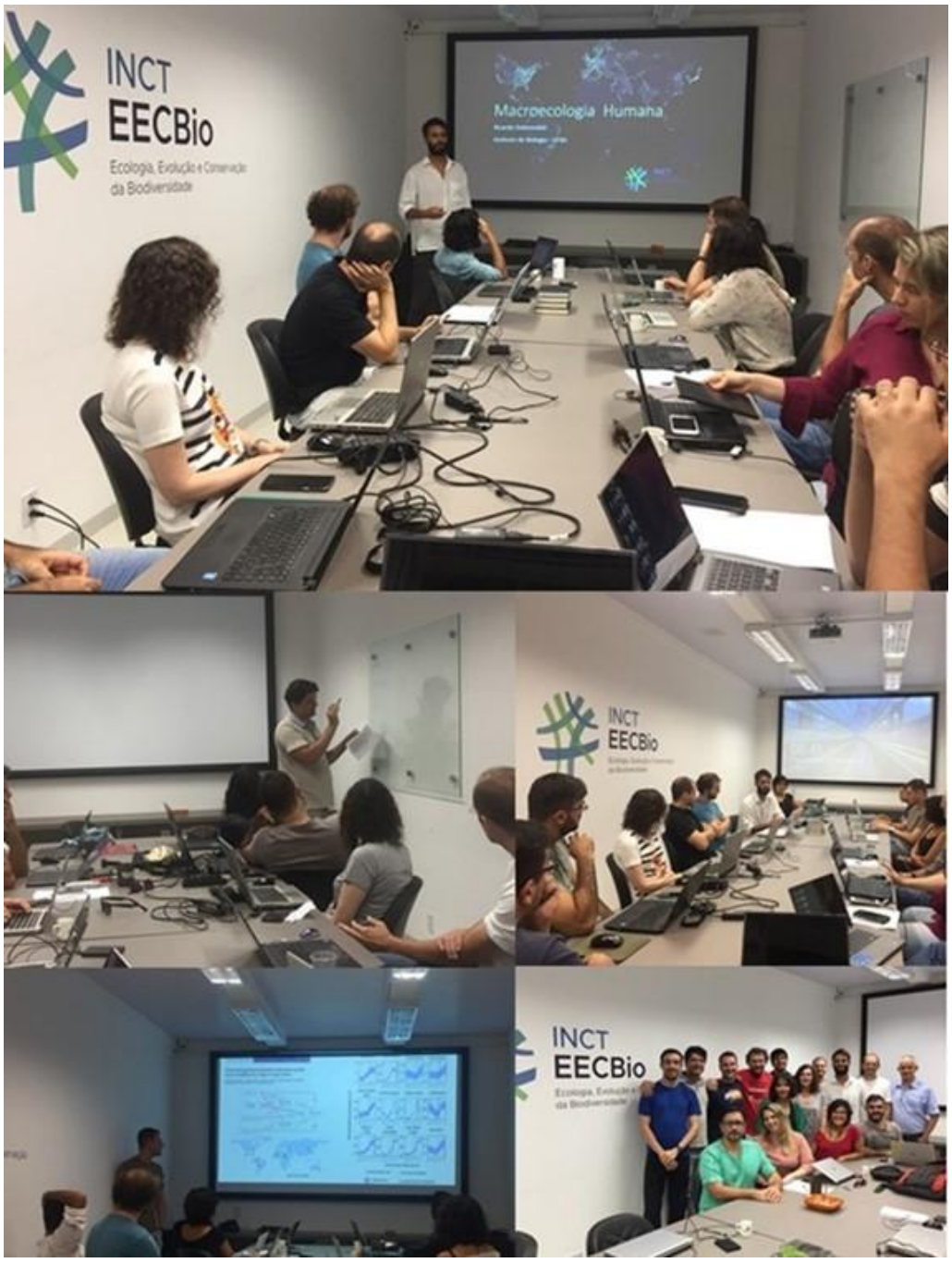


Fig. 3.1.14. Oficina de trabalho em "Macroecologia Humana" do EECBio, entre 29 e 31 de outubro de 2018, na sala do EECBio, ICB, UFG

Como primeiro resultado prático, estamos sendo construídas bases de dados sobre padrões gerais de ecologia humana em macroescala, envolvendo variáveis ecológicas e socioeconômicas em nível de países, combinando diferentes fontes (e.g., Figs. 3.1.15 e 3.1.16). Esses dados permitem o teste de diversas hipóteses sobre os processos macroecológicos humanos a partir de análises comparativas e estatísticas em amplas escalas do tempo e do espaço.

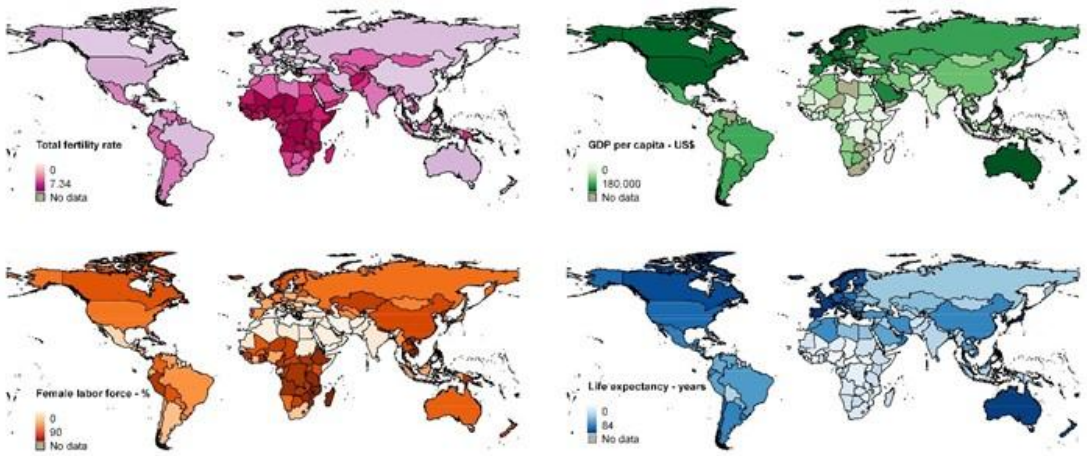


Fig. 3.1.15. Distribuição espacial global de variáveis de interesse para a o entendimento dos padrões e processos humanos a partir da abordagem macroecológica. Os países são as unidades amostrais. No sentido horário a partir do canto superior direito: taxa de fertilidade total; produto interno bruto, proporção de força de trabalho feminina e expectativa de vida.

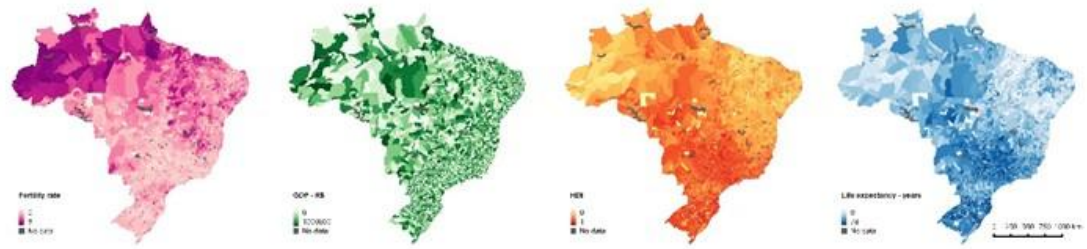


Fig. 3.1.16. Distribuição espacial no Brasil de variáveis de interesse para a o entendimento dos padrões e processos humanos a partir da abordagem macroecológica. Os municípios são as unidades amostrais. Da direita para a esquerda: taxa de fertilidade total; produto interno bruto, índice de desenvolvimento humano e expectativa de vida.

Como segundo objetivo, estamos realizando uma revisão da literatura sobre a abordagem macroecológica aplicada à espécie humana. Nesse sentido, o conceito de metabolismo, um dos pilares da abordagem macroecológica (Brown, 2004), é bastante útil. O metabolismo é o intercâmbio de matéria e energia entre os seres vivos e o meio ambiente, incluindo outros organismos, para manter a auto-organização, ou seja, a homeostase. O metabolismo pode ser analisado desde o nível das moléculas até o nível da biosfera. Na ecologia, o metabolismo foi proposto como um conceito unificador para conectar indivíduos, populações, comunidades e ecossistemas (Brown, 2004). O metabolismo também pode ser aplicado para a sociedade humana, o sociometabolismo,

como um conceito integrador de várias abordagens aplicadas a múltiplos temas, como alimentação, saúde e poluição (Haberl et al., 2019). Este conceito foi aplicado pela primeira vez para entender a agricultura por Justus von Liebig na década de 1840, que descreveu a agricultura no século XIX como um “sistema de pilhagem” devido à extração de nutrientes do campo para as cidades por meio de alimentos e fibras que alimentariam os trabalhadores e as indústrias emergentes. Esta abordagem foi a base de uma crítica a toda a sociedade capitalista, a qual tem sido caracterizada como sendo acometida de uma *falha metabólica*. Entre as consequências dessa falha metabólica está a degradação do solo, que continua a ser um problema ambiental fundamental que custa mais de 10 por cento do produto global bruto anual em perda de biodiversidade e benefícios naturais (IPBES, 2018).

Além da degradação do solo, a ruptura do sociometabolismo humano implica em mudanças profundas nos ecossistemas globais e na degradação da biodiversidade e dos ciclos biogeoquímicos da Terra. Esta mudança inclui a apropriação de mais de 25% da produção primária líquida, cerca de 50% de água doce e utiliza 38% das terras livres de gelo e desertos e causando a redução das populações selvagens em 68% e colocando em perigo cerca de 1 milhão de espécies (Diaz et al., 2019). A poluição resultante da produção humana alterou a composição da atmosfera e do clima. A concentração de CO_2, por exemplo, aumentou de 280 ppm para mais de 400 ppm desde o início da revolução industrial, por volta de 1750. Além disso, as principais iniciativas para combater estes problemas tiveram baixo sucesso nos últimos anos (Diaz et al., 2019; IPCC, 2022).

Embora esta ruptura metabólica tenha sido identificada, muitos autores ainda se concentram nos benefícios obtidos com o crescimento económico, particularmente no bem-estar humano, que tem sido identificado como um indicador-chave do sucesso social, o objetivo final da sociedade. Representando o bem-estar subjetivo que é o objetivo final das atividades das pessoas. Olhando para este indicador, é possível avaliar se o sociometabolismo atual consegue cumprir o objetivo final da sociedade, que é fazer a maioria das pessoas felizes. A felicidade é considerada uma meta da vida humana há séculos e foi recentemente incorporada pela ONU como um direito humano. A estimativa do bem-estar tem sido adoptada como um indicador de sucesso e melhoria social do que os indicadores económicos tradicionais como o PIB per capita (Fanning et al., 2022).

A teoria metabólica identificou a relação entre GDP e uso de energia e entre eles vários indicadores de desenvolvimento relacionados à saúde e ao desenvolvimento científico (Brown et al., 2011). O aumento no uso de energia está relacionado à

diminuição da fertilidade humana, seguindo a teoria metabólica. E a felicidade também está relacionada com o PIB e a energia. Assim, considerando esta relação, para deixar as pessoas mais felizes, deveríamos utilizar mais energia. No entanto, devido à utilização de combustíveis fósseis que representam a fonte de 80% da energia produzida hoje, o clima na Terra mudou e é provável que continue num caminho que pode tornar uma maior proporção de terras impróprias para os seres humanos. Consequentemente, existe um equilíbrio entre as necessidades energéticas para tornar as pessoas mais felizes e a necessidade de evitar os piores cenários de alterações climáticas que poderiam prejudicar a felicidade humana.

Devido às contradições da actual organização da sociedade, o aumento económico pode resultar em resultados que prejudicam a capacidade das pessoas de obterem bem-estar. Entre os resultados do desenvolvimento económico que minam a felicidade estão o aumento da desigualdade e a pobreza contundente, a destruição do ambiente e os benefícios da natureza. Mais de 10% das pessoas vivem em pobreza extrema, 768 milhões de pessoas enfrentam fome, 2,2 mil milhões de pessoas não têm acesso a água potável e 4,1 mil milhões não têm casa de banho em casa. Além disso, o suicídio representa uma importante fonte de mortes. Para piorar a situação, o mundo foi atingido pela pandemia da COVID-19 que piorou vários indicadores socioeconómicos, revelando uma sindemia global, ou seja, uma intersecção de diferentes crises globais. Assim, muitas pessoas não têm recursos suficientes para satisfazer as suas necessidades básicas para serem felizes, enquanto, em média, as pessoas utilizam os recursos mundiais mais rapidamente do que estes podem ser renovados. Assim, a sociedade humana está longe da sustentabilidade, pois não satisfaz as necessidades das pessoas vivas e, ao mesmo tempo, destrói a capacidade das gerações futuras de satisfazerem as suas necessidades (Burger et al., 2012; Fanning et al., 2022). Estas contradições inspiraram propostas científicas para reformar o atual modo de produção, e outros sugeriram a necessidade de superar o atual sistema socioeconómico, ou seja, uma mudança transformadora (Diaz et al., 2019).

Aqui exploramos a ruptura metabólica na sociedade humana do ponto de vista da relação entre produção, bem-estar e poluição numa perspectiva global. Testamos: i) a relação entre renda (PIB/capita) e felicidade; ii) a relação entre felicidade e consumo de energia; iii) Estimar quanto CO_2 é necessário para fazer todos felizes e quanto isso aumentará as emissões actuais; iv) Estimar a quantidade de emissões que devem ser cortadas dos maiores emissores para cumprir os acordos de combate às alterações climáticas.

Nós encontramos uma relação positiva entre felicidade, energia e PIB per capita (Fig. 3.1.17). O coeficiente entre felicidade e log (PIB) em todos os países para todos os anos entre 2005 e 2021 foi de 0,76 ($F_{1,2060}$ = 4246; p-valor < 0,001). O coeficiente entre felicidade e log(energia) foi de 0,65 ($F_{1,84}$ = 112,6; p-valor < 0,001). O coeficiente entre log (energia) e log (PIB) foi de 0,98 ($F_{1,84}$ = 110,2; p-valor < 0,001).

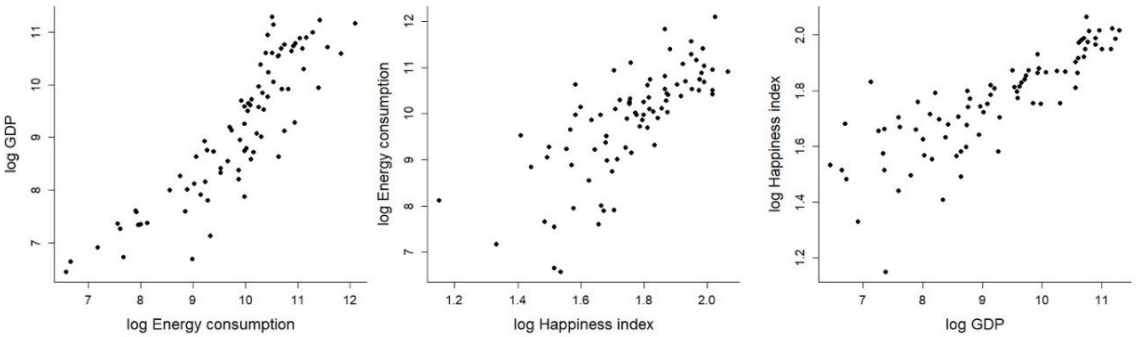


Fig. 3.1.17: Relação entre PIB per capita, consumo de energia per capita e felicidade. Os pontos representam os países, as unidades amostrais.

Considerando a relação entre energia e felicidade, para levar o mínimo de felicidade às pessoas, considerando o limiar de 6,5, é necessário gastar um mínimo de 48.773,15 kWh/ano (Fig. 3.1.18). A partir da relação entre felicidade e PIB, é possível estimar que o valor mínimo de dinheiro necessário para ser feliz é 45.234,1 US$/ano (Fig. 3.1.19). Assim, considerando que 1.000 dólares implicam em 0,26 toneladas de CO_2, garantir a quantidade de dinheiro necessária para fazer todos felizes aumentaria a média atual de ~ 5 ton de CO_2 per capita para 10,4. Considerando a eficiência da produção de energia nos EUA, o que seria um valor global superestimado, onde se produz 0,388 kg de CO_2 por kWh, a energia mínima para todos implicaria numa média global mínima de 19,02 ton de CO_2 per capita por ano. Com base nessas relações, atualmente a apenas 26 países têm um PIB de rendimento médio per capita necessário para permitir que as pessoas obtenham o mínimo de felicidade e apenas 19 países têm um consumo de energia necessário para fazer todos felizes. A lista do índice de felicidade dos países, de acordo com *World Happiness Report* aponta que 27 países tem um índice de felicidade superior a 6,5.

Considerando a atual fonte média de energia no mundo que é 80% proveniente de combustíveis fósseis, isso representa um aumento de emissões de GEE em 108-

384%. Isto afasta-nos ainda mais do objetivo de reduzir as emissões globais dos atuais 50 Gton para 30 Gton até 2030 e da emissão líquida zero até 2050 (IPCC, 2022).

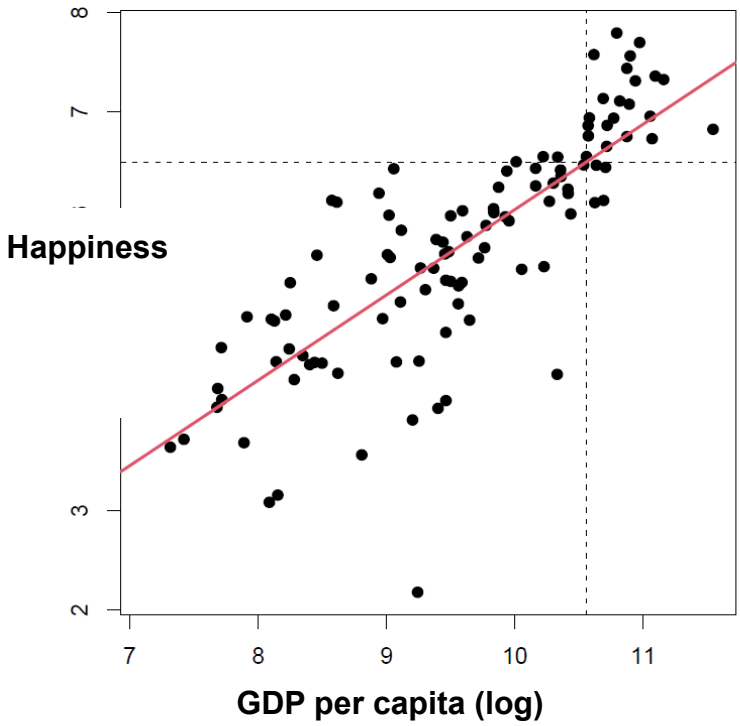


Fig. 3.1.18: A relação entre o PIB per capita e o índice de felicidade (World Happiness Report, 2023). As linhas representam a felicidade mínima (6,5) e a renda mínima necessária para obtê-la de acordo com o modelo que ajustamos aos dados.

Outra questão estamos abordando de um ponto de vista macroecológico é a questão da fertilidade humana. Esse é um tema controverso que vem sendo abordado na literatura até hoje do ponto de vista das consequências para o meio ambiente e de uma forma muitas vezes bastante questionável moralmente. Nosso objetivo aqui, mais uma vez é entender as causas da variação de fertilidade entre os países. A população humana global atingiu oito bilhões de pessoas, e é esperado alcançar de mais de dez bilhões até o final do século XXI. Embora o crescimento populacional não seja a principal variável no entendimento dos impactos humanos sobre os processos naturais, ela é uma variável importante nesse processo e fundamental no entendimento da própria organização dessas populações (Burger et al., 2017). A principal abordagem para explicar os padrões globais da distribuição espacial da abundância da espécie humana tem sido a teoria da transição demográfica. A TTD propõe que a redução taxas de fertilidade e mortalidade é causada por mudanças sociais associadas ao processo de "modernização". Esse processo incluiria o acesso ao saneamento, a cuidados médicos

e alimento de modo a reduzir as taxas de mortalidade. Por outro lado, a fecundidade, cuja redução tende a ser mais lenta, estaria associada ao papel da mulher na sociedade. Assim, o aumento do grau de instrução das mulheres, a disseminação de informações e acesso aos métodos contraceptivos e a inserção das mulheres no mercado de trabalho contribuiriam para a redução das taxas de fertilidade. Outra hipótese, de origem macroecológica está associada ao aumento médio da energia per capita, o que levaria a uma redução da taxa dos processos biológicos, de acordo com as relações alométricas esperadas. Assim, inúmeras hipóteses são propostas para entender a complexidade das causas e os mecanismos nas diferenças nas taxas de fertilidade nas atuais sociedades contemporâneas. O nosso objetivo foi testar as principais hipóteses baseadas na TTD e em outras abordagens para explicar as diferenças nas taxas de fertilidade humana nas sociedades contemporâneas. Nós usamos a abordagem macroecológica para avaliar os determinantes do desenvolvimento econômico e das taxas de fertilidade em escala global. Nesse cenário, as nossas unidades amostrais foram os países. Mais especificamente, nós aplicamos modelos de equações estruturadas para acessar as relações causais lineares entre a industrialização, crescimento econômico, promoção a educação e saúde, indicativos inserção da mulher no mercado de trabalho e urbanização sobre as taxas de fertilidade humana para 193 países (Fig. 3.1.20).

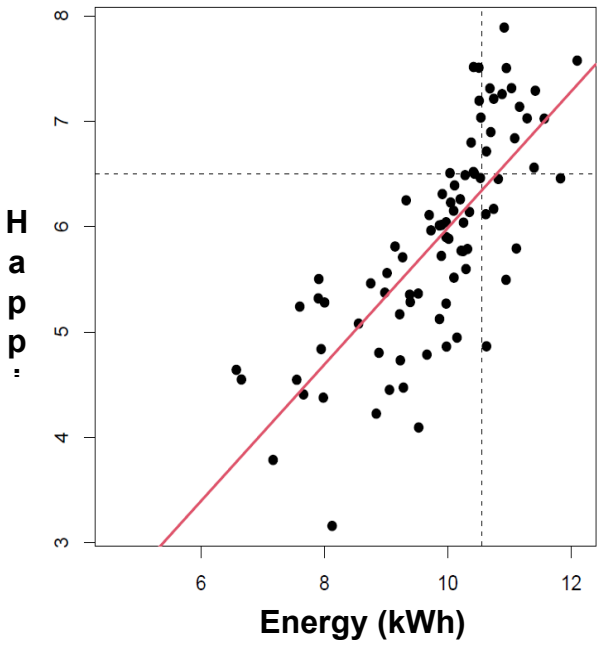


Fig. 3.1.19: Relação entre o consumo de energia e o índice de felicidade (World Happiness Report, 2023). As linhas representam a felicidade mínima (6,5) e a energia mínima necessária para obtê-la de acordo com o modelo que ajustamos aos dados.

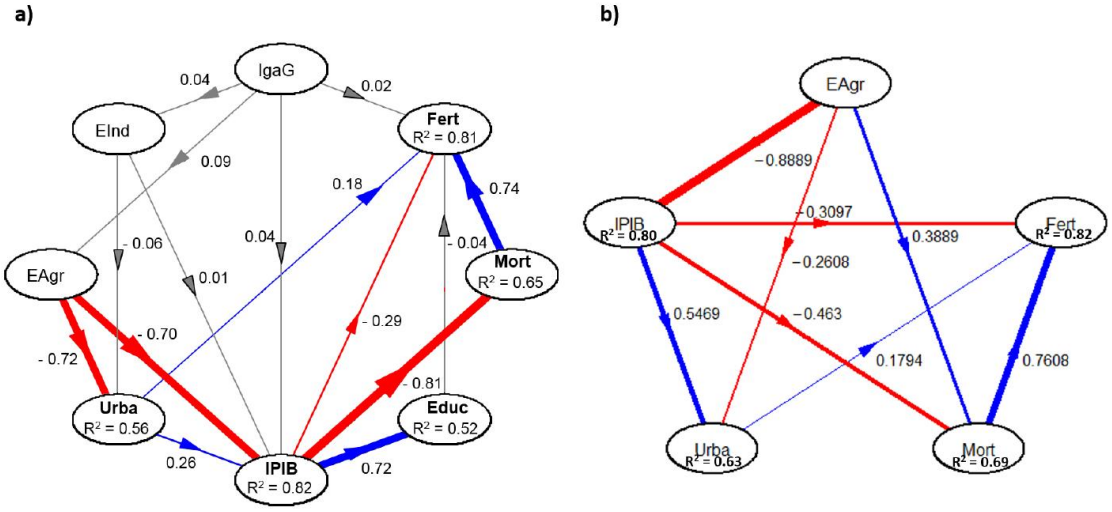


Fig. 3.1.20: Modelo socioeconômico do entendimento das causas da fertilidade humana nos municípios do Brasil. Educ = média de anos estudados pela população de mulheres; URBpop = população urbana; Fert = Número de filhos esperados por mulher; Mort = taxa de mortalidade infantil; EAgr = porcentagem de mulheres empregadas no setor agrícola; IgaG = índice global de igualdade de gênero; EInd = Porcentagem de mulheres empregadas no setor industrial.

A mesma abordagem foi aplicada ao Brasil, um país com dimensões continentais e com alta desigualdade, a partir de uma base municipal (Fig. 3.1.21).

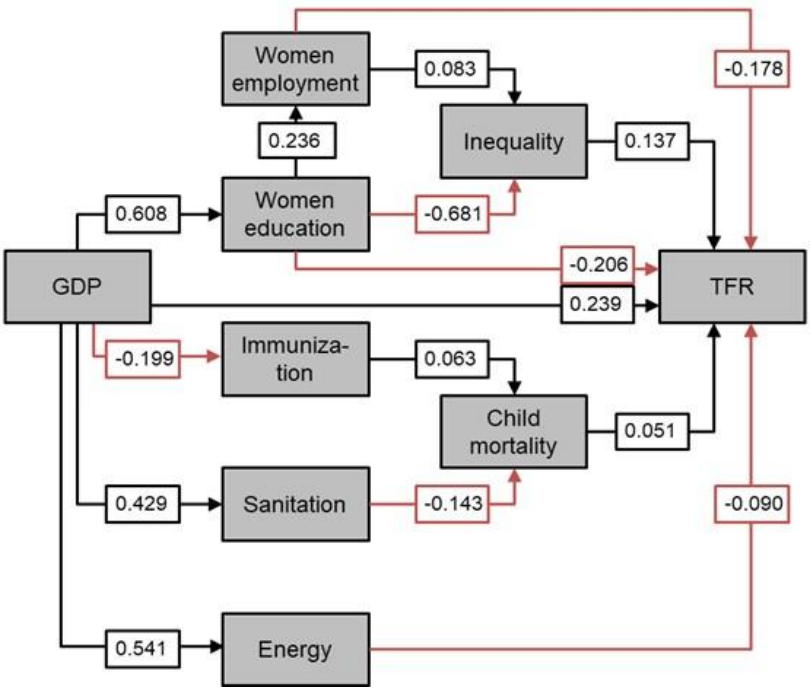


Figura 3.1.21. Modelo socioeconômico do entendimento das causas da fertilidade humana nos municípios do Brasil.

Finalmente, dos resultados do workshop do final de 2018, entre eles a definição das abordagens metodológicas e da montagem da base de dados, foi possível avaliar o efeito do clima e de variáveis sócio-economicas na fase inicial de crescimento da COVID-19 em todo o mundo (Coelho et al. 2020). Essa análise foi motivada por propostas da literatura utilizaram resultados de modelos de nicho ecológico para sustentar a afirmação de que a pandemia não iria chegar nos trópicos de forma agressiva. Demonstramos que o tamanho da população e as conexões globais, representadas pela importância dos países na rede global de transporte aéreo, são as principais explicações para a taxa de crescimento inicial do COVID-19 em diferentes países (Fig. 3.1.22). O clima e a socioeconomia não tiveram efeito significativo nesta análise do quadro geral (Fig. 3.1.23 e 3.1.24). Nossos resultados mostraram que as alegações de que a taxa de crescimento da COVID-19 poderia ser menor em países mais quentes e úmidos deveriam ser tomadas com muito cuidado por potencialmente criarem o risco de perturbar políticas bem estabelecidas e eficazes de isolamento social que poderiam ajudar a evitar maiores taxas de mortalidade devido ao colapso dos sistemas nacionais de saúde. Em resumo, mostrou-se que não haveria restrições ecológicas à uma grande expansão da pandemia nos países tropicais, como o Brasil (o que obviamente se confirmou). Uma postagem desse tema no “Ciência, Universidade e Outras Ideias” bateu na época rapidamente o recorde de visualizações do blog (chegando a 8500 visualizações, a maior parte poucos dias após a publicação). Infelizmente, essas predições dos modelos se confirmaram e houve uma enorme expansão da COVID-10 no Brasil, como é bem sabido em 2021, embora certamente as alegações ligadas às condições climáticas desfavoráveis à expansão da pandemia não tenham, aparentemente, sido um componente importante na ausência de políticas públicas eficientes e adotadas de forma consistente no país.

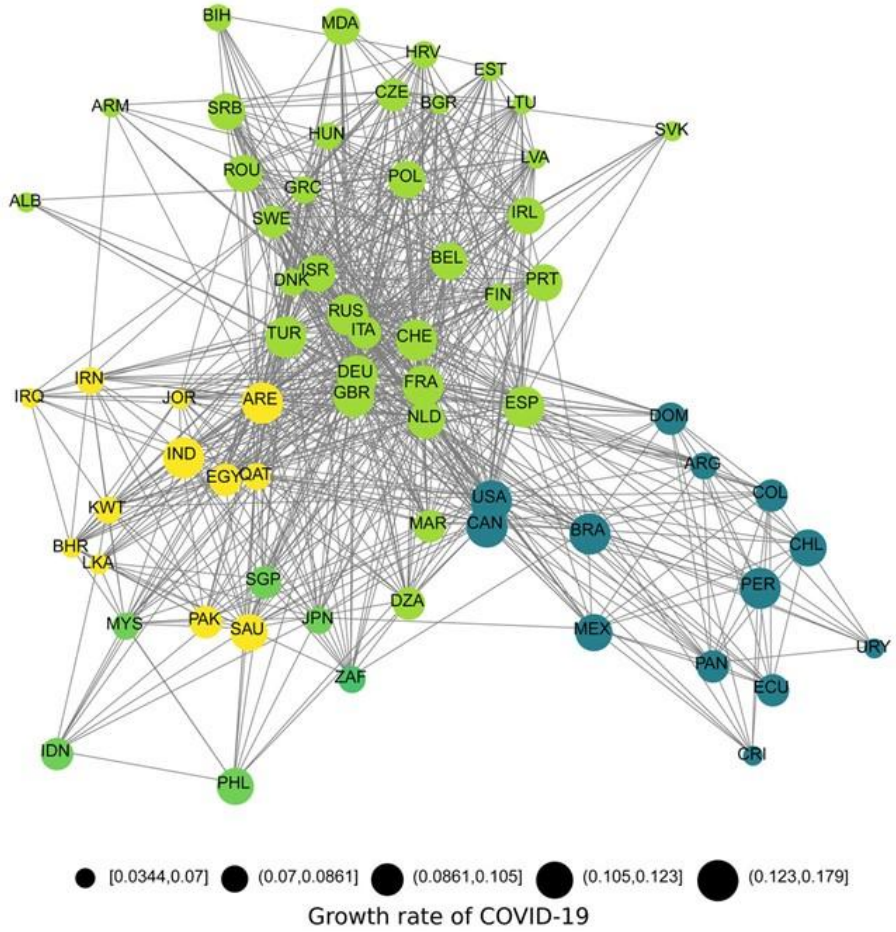


Fig. 3.1.22. Rede de transporte aéreo entre 65 países que tiveram mais de 100 casos e para os quais os dados de séries temporais tinham pelo menos 30 dias após o 100º caso. Cores diferentes representam módulos de países mais conectados entre si. Tamanhos diferentes de cada nó representam a taxa de crescimento do COVID-19 estimada para cada país.

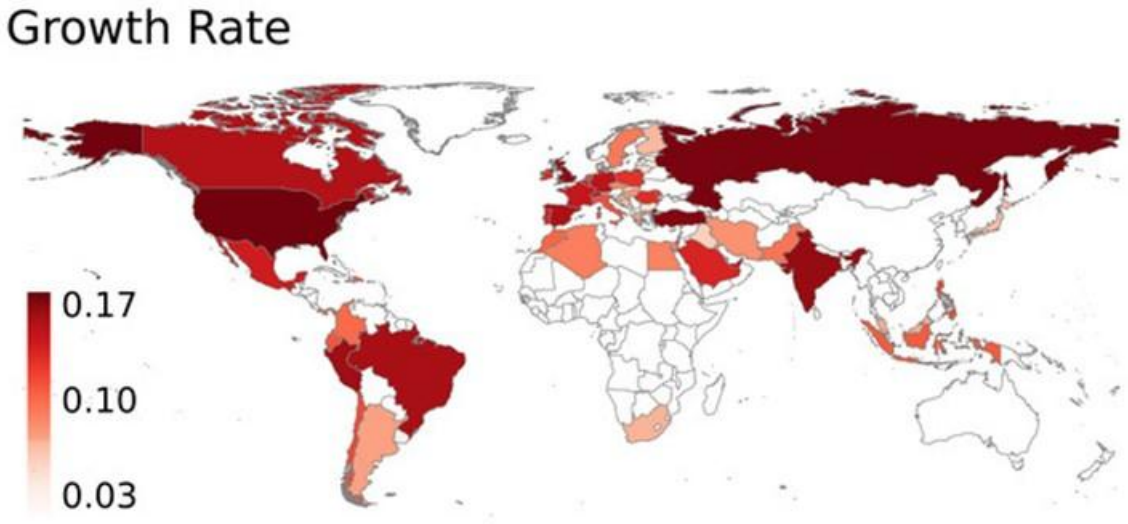


Fig. 3.1.23. Padrão geográfico da taxa de crescimento inicial de COVID-19 em diferentes países. A taxa de crescimento é representada pelo coeficiente de regressão da série de crescimento logarítmico.

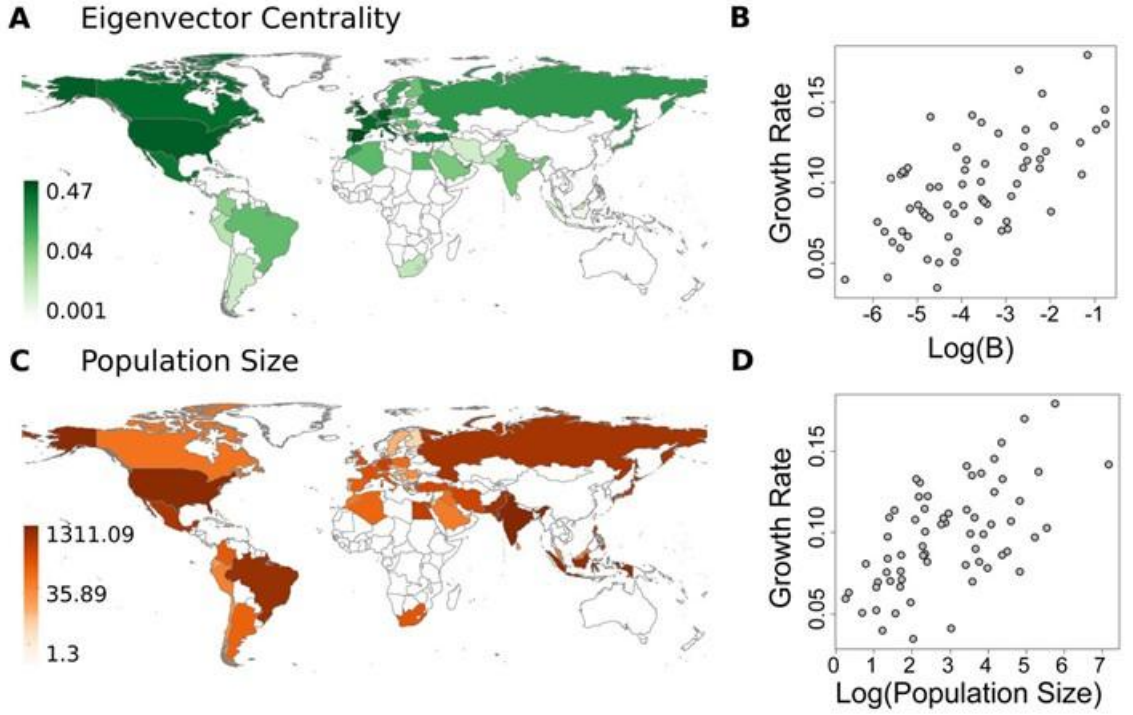


Fig. 3.1.24. Padrões espaciais de preditores e sua relação com as taxas de crescimento do COVID-19. A importância dos países na rede de transporte global (A) e o tamanho da população (C) estão fortemente associados às taxas de crescimento inicial de COVID-19 em todo o mundo (B e D).

Novas abordagens para avaliar lacunas de conhecimento de biodiversidade

Finalmente, em novembro de 2019 (i.e., depois do envio do último relatório ao CNPq), o GT em "Macroecologia & Macroevolução" promoveu uma oficina em que foram discutidos trabalhos sobre a temática lacunas de conhecimento sobre a biodiversidade. O evento foi organizado pelo Prof. Dr. Joaquín Hortal (Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madri, Espanha) e pela Dra. Leila Meyer (bolsista DTI/EECBio, UFG), e incluiu a participação de 17 pesquisadores do EECBio Esse workshop foi realizado em substituição ao workshop sobre "*Compreendendo a geração e manutenção de pools regionais de espécies pela integração de dados filogenéticos, funcionais e geográficos",* que não pode ser realizado à época. Durante essa oficina, avançamos a discussão sobre construção de um índice que avalie a incerteza taxonômica (i.e., probabilidade de uma espécie atualmente aceita deixar de ser aceita no futuro). Discutimos que este índice terá dois componentes: i) número de revisões taxonômicas para o táxon; e ii) a qualidade da descrição/revisão taxonômica. Além disso, foram propostos dois novos trabalhos relacionados às lacunas de conhecimento: i) investigar quais fatores (e.g. distância geográfica, distância ambiental, e outros) determinam que um novo registro de ocorrência represente uma nova espécie; e ii) avaliar como a incorporação de novos registros de ocorrência ao longo do tempo incrementa o conhecimento sobre o range das espécies e sobre os padrões de riqueza de espécies.



Fig. 3.1.25. Oficina sobre Lacunas de Conhecimento em Biodiversidade, no EECBio, em 11 a 13 de novembro de 2019

Logo após o início desse novo projeto, começaram as restrições por causa da COVID-19, mas de qualquer modo aconteceram diversos avanços. No plano enviado em CNPq em 2021 e iniciado em 2022, após a prorrogação da vigência do EECBio, esse foi um dos novos projetos apresentados, prevendo recursos para uma ampliação das discussões e contratação de novos bolsistas para desenvolver o tema.

Para executar os dois novos projetos propostos durante o workshop (veja descrição acima), estão sendo utilizados bancos de dados com registros de ocorrência georreferenciados das espécies da tribo Bignonieae (Bignoniaceae), com uma primeira versão compilada e disponibilizada por L.G. Lohmann, pesquisadora do EECBio. No entanto, foi necessário atualizar a nomenclatura das espécies e compilar a data de coleta de 4.684 (~16%) registros presentes no banco sem datação. Após as revisões mencionadas, o banco de dados está finalizado para as análises e conta com cerca de 28.857 registros de ocorrência de 399 espécies de Bignonieae, dos quais 96,2% (27.766 registros) apresentam data de coleta. Além disso, em relação ao Índice de Incerteza Taxonômica discutido no workshop de 2019, foi estabelecida uma forte colaboração com a Dra. Juliana Stropp (Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madri, Espanha), que coordena o projeto *Taxon-time* (https://taxon-time.com/), que busca entender como esforços taxonômicos influenciam o conhecimento sobre a Biodiversidade ao longo tempo. No contexto da colaboração com a Dra. Stropp, os Dres. Hortal e Meyer e outros membros deste GT tem desenvolvido um marco conceitual para a avaliação do efeito das mudanças taxonômicas sobre os valores de biodiversidade que podem ser quantificados a partir de grandes bancos de dados. Este marco conceitual, composto por diferentes análises e vários índices de incerteza taxonômica, já deu lugar a uma publicação dentro do âmbito do EECBio (Stropp et al. 2022). Finalmente, as versões preliminares desses índices de incerteza taxonômica se inseriram em um trabalho de síntese sobre como avaliar a incerteza espacial associada aos modelos de distribuição de espécies (Tessarolo et al. 2021), e foram utilizados num trabalho de síntese sobre a informação disponível sobre a biodiversidade terrestre da Antártida (atualmente em revisão).

A partir de 2022 foram retomados os trabalhos do grupo com diversas reuniões virtuais e, em abril de 2023, de forma presencial, com um novo workshop ocorrendo no EECBio (Fig. 3.1.26), com a participação de diversos novos pesquisadores que se integram ao projeto, bem como alunos de graduação e pós-graduação, bem como pós-doutores e bolsistas DTI do EECBio. Foram discutidos novos projetos, especialmente uma expansão da concepção de mapas de ignorância de espécies para regiões

biogeográficas (sobrepondo os mapas de incerteza), um projeto atualmente em andamento utilizando dados integrados de diversidade de plantas no Brasil.



Fig. 3.1.26. Oficina sobre Lacunas de Conhecimento em Biodiversidade, no EECBio, em abril de 2023.

Um dos avanços importantes a partir das reuniões de 2022 e 2023 foi a discussão sobre as interações mais complexas entre os diferentes shortfalls, especialmente as lacunas Linneanas, Wallaceanas e Darwinianas. Essas discussões resultaram em um artigo de perspectivas publicado em 2023 na *Frontiers of Biogeography* (Diniz-Filho et al. 2023), no qual foi apresentado um arcabouço para analisar o impacto dos gradientes taxonômicos latitudinais recentemente propostos por Mark Pennel, em um artigo publicado na TREE, nas estimativas de diversificação como explicação para os gradientes latitudinais de diversidade. O ponto central é que, quando a lacuna Darwiniana foi proposta em 2013, a ideia era que as estimativas de diversidade com base na filogenia seriam mais robustas às incertezas relacionadas à definição de espécies que resultam na lacuna Linneana. A solução dos diversos componentes da lacuna Darwiniana seria, portanto, uma maneira de contornar a lacuna Linneana no sentido de estimar e entender padrões de diversidade, bem como desenvolver estratégias mais robustas de conservação. Embora esse princípio continue válido para estimativas de diversidade de modo geral, a partir da discussão dos gradientes

taxonômicos e da estimativa das taxas de diversificação “por espécie” (*tip rates*), percebeu-se que há uma integração mais complexa entre as lacunas Linneana e Darwiniana. O ponto é que, embora a incerteza sobre a delimitação das espécies de fato tenha pouco impacto sobre as métricas de diversidade filogenética (i.e., uma vez que essas novas espécies seriam em geral bastante próximas filogeneticamente às espécies já descritas, aparecendo em geral em função de subdivisões e processos de “inflação taxonômica”), isso não é valido para estimativas de diversificação (Fig. 3.1.27). Isso se dá porque essas métricas são sensíveis exatamente à padrões filogenéticos em escalas menores, e, portanto, se uma região (i.e., trópicos) possuem problemas de delimitação em comparação com regiões mais conhecidas, isso cria um viés nas estimativas de diversificação que pode, de fato, explicar alguns resultados paradoxais obtidos recentemente por alguns autores que sugerem que regiões com menor riqueza possuem maiores taxas de diversificação (Fig. 3.1.28).

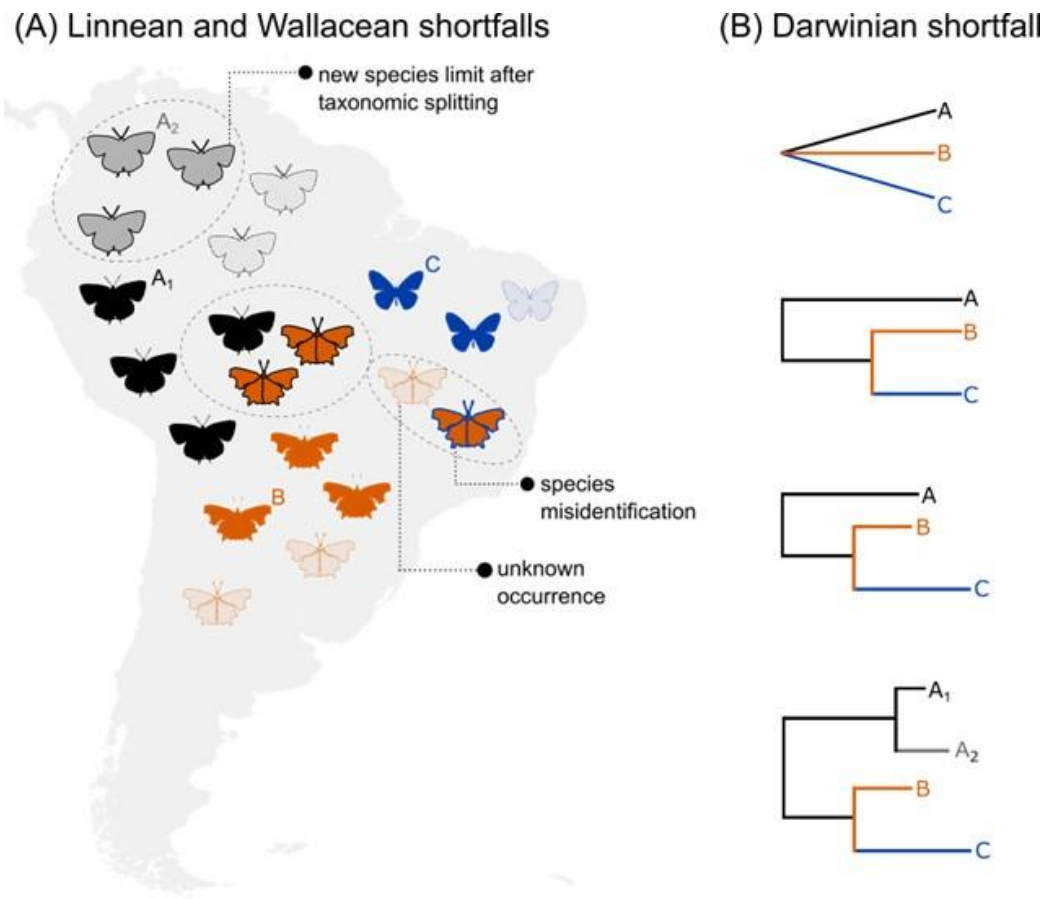


Fig. 3.1.27. Padrões geográficos das Lacunas Linneana, Wallaceana e Darwniana, mostrando como o aumento no conhecimento de 3 espécies hipotéticas (que se tornam 4) muda os padrões de diversidade filogenética.

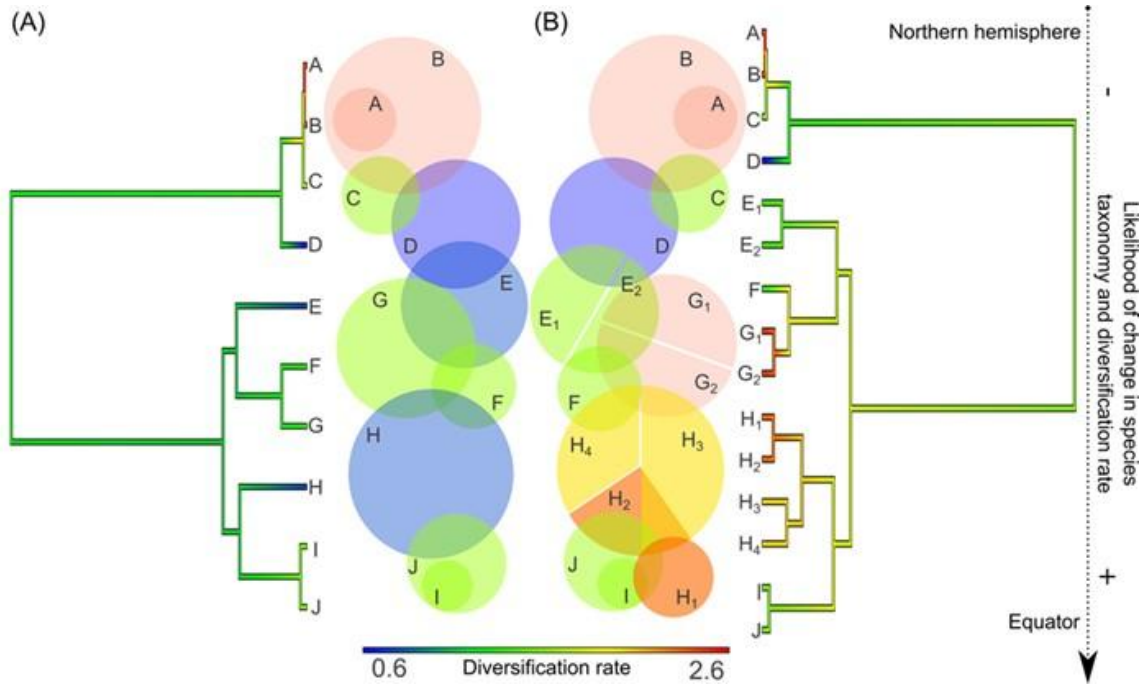


Fig. 3.1.28. Exemplo hipotético esquemático dos efeitos do gradiente taxonômico latitudinal (LTG) em relação às taxas de diversificação. À esquerda apresenta-se uma filogenia de 10 espécies atualmente conhecidas, na qual as espécies do norte (A a D) são encontradas em regiões bem conhecidas e estão bem delimitadas. Por outro lado, as espécies descritas para a região sul (E a J) não estão bem delimitadas. Com base em indicadores da robustez da delimitação das espécies (ou após alguns estudos taxonômicos integrativos empíricos), os pesquisadores decidem dividir as espécies E, G e H em vários táxons, subdividindo, consequentemente, suas áreas geográficas originais. O gradiente de cor na distribuição geográfica das espécies e nos ramos em cada faixa filogenética referem-se à Taxa de Diversificação (DR) e variam de 0,6 (azul) a 2,6 (vermelho), mapeados usando a função contMap do pacote Phytools do R.

O arcabouço proposto por Diniz-Filho et al. (2023) consiste basicamente em realizar simulações de mudanças taxonômicas (por divisão ou fusão) a partir de dados empíricos que possibilitem definir a estabilidade ou consistência da delimitação de espécies. Estudos de simulação mais elaborados realizados recentemente a partir do esquema da Fig. 3.1.28 sugerem que se cerca de 14% das espécies tropicais estiverem sido definidas de forma mais incertas e se subdividirem no futuro isso é suficiente para inverter a interpretação das taxas de diversificação. Outros estudos estão sendo conduzidos nesse momento (e.g., Frateles et al. 2025; Tavares et al. 2024) a fim de aplicar esse protocolo a dados empíricos, em grupos de plantas, serpentes e peixes neotropicais (este último de forma integrada ao GT de Ecologia Aquática e ao novo projeto de padrões de biodiversidade no Araguaia).

Padrões Globais de Diversidade: A "Geografia do Clima" e uma Nova Geração de Modelos para Simulação de Padrões de Diversidade

De modo geral entende-se, em macroecologia, que as condições climáticas presentes e passadas que envolvem especialmente variações de temperatura e produtividade afetam os padrões de distribuição e riqueza de espécies (e que é o foco das atividades do GT em Modelagem de Nicho e Mudança Climática). Os mecanismos discutidos envolvem principalmente processos ecológicos e evolutivos que geram mudanças adaptativas que aumentam as taxas de extinção ou especiação ou impulsionam a expansão da distribuição geográfica em direção a regiões mais adequadas do globo para uma determinada linhagem. Os efeitos do isolamento geográfico, por outro lado, estão geralmente ligados a processos estocásticos em níveis hierárquicos mais baixos, conduzindo frequentemente a reduções no tamanho das populações, aumentando as taxas de extinção locais ou promovendo a diferenciação populacional. Este último pode dar origem gradualmente a novas espécies, fazendo com que as espécies se acumulem a taxas diferentes em todo o mundo.

Coelho et al. (2023), no entanto, mostraram em um artigo publicado na *Nature* que esta distinção entre os efeitos adaptativos do clima "per se" não é independente da "geografia do clima", que é, por sua vez, uma consequência direta da "dualidade de Hutchinson" proposta por R. K. Colwell e Thiago Rangel em 2009. Essencialmente, a questão que emerge é: será a maior riqueza tropical um resultado direto do próprio clima, como sugerido anteriormente, ou devido à maior área de climas quentes e húmidos e ao isolamento generalizado dentro deles? Para separar estes efeitos, devemos mudar a nossa abordagem à análise dos padrões de riqueza, concentrando-nos diretamente na distribuição das espécies no espaço ambiental e não no espaço geográfico. Esse tema conceitual mais amplo tem sido discutido por alguns dos integrantes do GT de Macroecologia e Macroevolução desde 2020, tendo sido tema de um workshop realizado em 2023 no EECBio, com a participação da Dra. Catherine Graham, do WZL da Suiça (Fig. 3.1.29).



Fig. 3.1.29. Oficina sobre modelagem no espaço ambiental no EECBio, em fevereiro de 2023, com a participação da Dra. Catherine Graham, do WZL, Suiça.

Para diferenciar esses efeitos diretos do clima e seus aspectos geográficos (área e isolamento), Coelho et al. (2023) começaram por construir um espaço climático multivariado. Para simplificar, utilizaram os dois primeiros componentes principais de 12 variáveis climáticas do CHELSEA. Foram então mapeados os padrões de riqueza dos tetrápodes e os aspectos geográficos do clima (área climática e isolamento) no espaço bivariado, divididos em células de grade regulares. Em seguida, foram utilizados modelos não lineares para analisar a riqueza em relação ao clima (os dois primeiros componentes principais) e seus aspectos geográficos (área e isolamento), com base nas células do espaço climático. Os padrões foram surpreendentemente semelhantes para todos os tetrápodes, e o modelo explicou aproximadamente 90% da variação para cada grupo.

Para os anfíbios (Fig. 3.1.30), a área climática e o isolamento são responsáveis por 9% e 5% do desvio, respectivamente, com uma explicação sobreposta de 12% (portanto, o poder explicativo total da geografia do clima é de 26%). As duas primeiras componentes principais do clima (os efeitos diretos) são responsáveis por 16% dos desvios, com uma sobreposição de 45% com a geografia climática. Isto dá um poder explicativo total para o clima e a geografia climática de 88%. É importante notar que os resultados de modelos não lineares baseados em efeitos diretos do clima no espaço

geográfico sobre a riqueza (i.e., usando apenas AET, que sintetiza temperatura e produtividade) mostram um poder de explicação em torno de 60%, revelando assim uma confusão de efeitos entre os dois “componentes” do clima.

O artigo de Coelho et al. (2023) está aceito para publicação na *Nature*, uma das mais prestigiadas revistas científicas do mundo, o que mostra claramente o nível de excelência dos pesquisadores do EECBio.

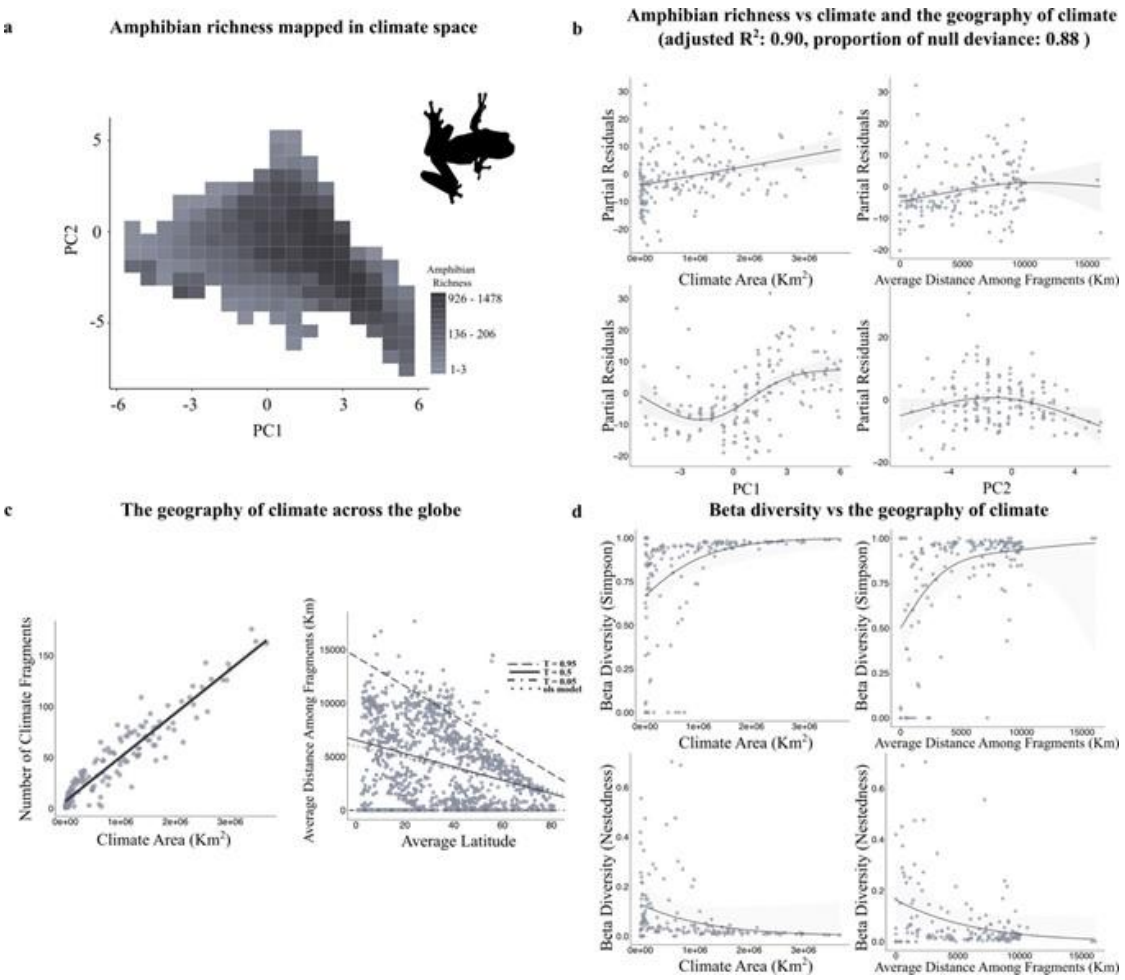


Fig 3.1.30. Explorando a influência da geografia climática na riqueza global de anfíbios no âmbito da dualidade de Hutchinson (Coelho et al. 2023). Um espaço bivariado é definido utilizando os dois primeiros componentes principais da variação climática (a), com base em doze variáveis. Este espaço mapeia a riqueza e compara-a com os principais componentes do próprio clima e as suas propriedades geográficas, nomeadamente a área climática e o isolamento (b). Os atributos geográficos do clima apresentam uma distribuição global não uniforme, com áreas climáticas maiores sendo mais fragmentadas espacialmente e o isolamento climático aumentando em direção aos pólos (c). Os aspectos de aninhamento e rotatividade da diversidade beta também são examinados em relação à área climática e ao isolamento (d).

Finalmente, ainda no contexto de padrões globais de diversidade e os mecanismos ecológicos e evolutivos envolvidos na sua origem e manutenção, o grupo liderado pelo Prof. Thiago Rangel também tem avançado em um novo modelo de simulação elaborando o publicado na *Science* em 2018. Em abril de 2023 foi organizada uma oficina para desenvolver conceitualmente a fundamentação teórica para uma essa geração de modelos de simulação para estudar a origem e a manutenção dos padrões de diversidade de espécies em grandes escalas de tempo de espaço. Essa nova geração de modelos deverá integrar processos ecológicos (e.g. dinâmica de populações, interações, respostas ambientais) com evolutivos (e.g. fluxo gênico, especiação), desde a escala populacional até a biogeográfica. O principal objetivo é reconstruir os padrões de diversidade de todos os vertebrados da América do Sul desde os últimos 34 milhões de anos. Em maio houve uma continuação do workshop com a visita do Dr. Oskar Hagen (i-DIV, Alemanha).

Um ponto importante nesse workshop em Pirenopolis foi a participação do Dr. Leandro Duarte, da UFRGS e coordenador do GT em Ecologia de Comunidades do EECBio, objetivando realizar mais uma integração entre os grupos e avançar nos trabalhos em colaboração nesse sentido. No contexto do GT em Ecologia de Comunidades foi publicado recentemente outro trabalho de simulação na revista *Ecography*, utilizando um arcabouço um pouco diferente em nível de processos de mudança nas metacomunidades em um contexto filogenético adaptativo por meio de processos O-U, resultado no arcabouço do “McFly”; Duarte et al. (2023; Fig. 3.1.31).



Fig. 3.1.31. Oficinas sobre os novos avanços em simulação de padrões de diversidade em abril de 2023 (na cidade de Pirenópolis, Goiás), com a participação de diversos pesquisadores do EECBio e convidados internacionais, incluindo os Drs. Michael Pontarp, Robert Colwell, James Albert (acima), seguida da discussão com o Dr. Oskar Hagen, em maio (abaixo).

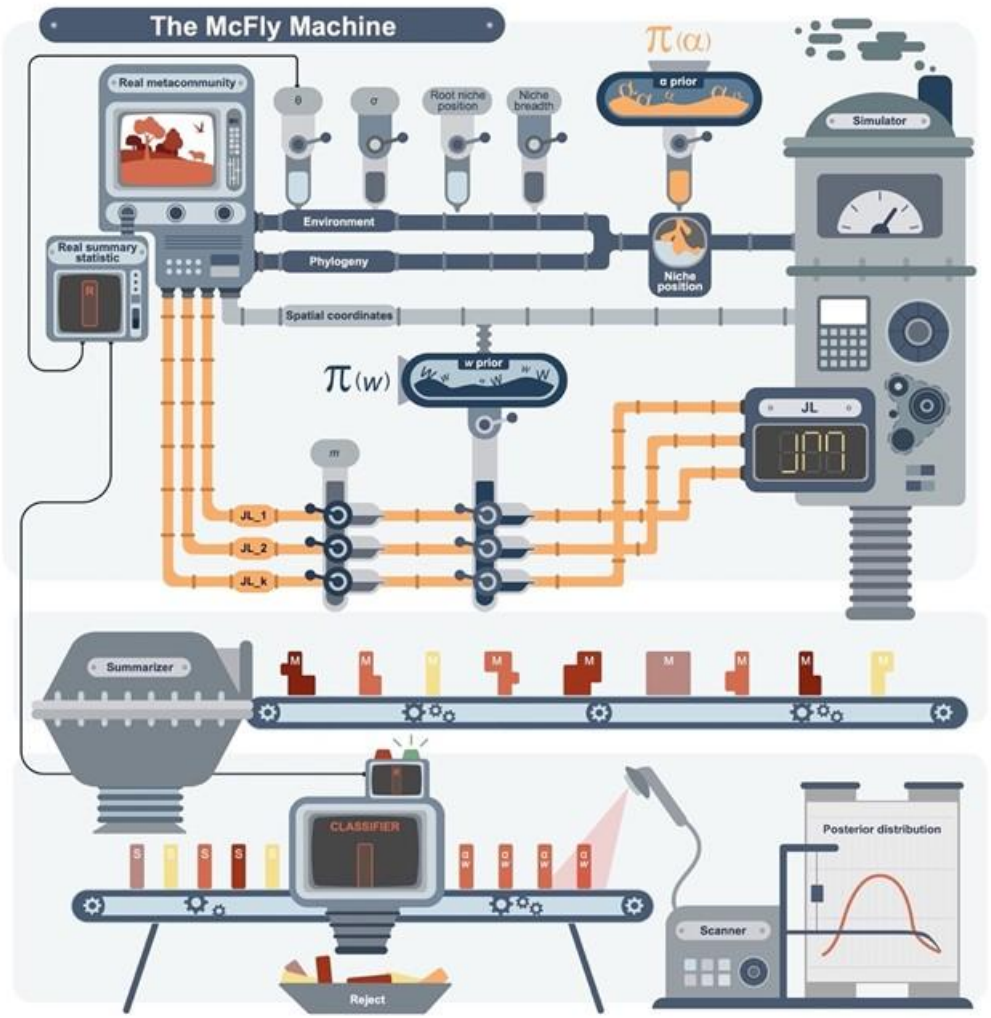


Fig. 3.1.31. Representação esquemática de "mcfly" (Duarte et al. 2023), uma estrutura de computação bayesiana aproximada (ABC) desenvolvida para estimar a distribuição posterior dos parâmetros de taxa de adaptação (OU's α) e inclinação do kernel de dispersão (w) que conduzem gradientes de diversidade de espécies ao longo de um gradiente ambiental. 1. A metacomunidade real fornece as medidas empíricas da diversidade de espécies, a estatística resumida real (R). 2. Ambiente é uma dimensão de nichos de espécies que fornece os parâmetros ótimos de nicho (θ), variância (σ) e posição de nicho de raiz necessários para simular o nicho de espécies com base na filogenia, de acordo com o modelo evolutivo de Ornstein-Uhlenbeck. Também definimos a amplitude de nicho na simulação com base no ambiente. 3. Uma distribuição anterior de OU de α é usada para simular posições de nicho de espécies com base em parâmetros ambientais e filogenia. 4. Coordenadas espaciais de k locais são usadas para definir a distribuição anterior da inclinação w; juntamente com a taxa de imigração (m), o número de indivíduos em k locais (JL_k) e o número total de indivíduos em M (JM) fornecem os parâmetros neutros das simulações. 5. As metacomunidades são simuladas com base em parâmetros de nicho e neutros (Simulador). 6. Cada simulação de metacomunidade fornece medidas de diversidade de espécies (Summarizer) tomadas como estatísticas resumidas simuladas (S). 7. As diversidades simuladas (S) são classificadas com base num limiar mínimo de correlação (tolerância) pré-definido com a diversidade observada (R). Cada objeto S não descartado (Rejeitar) é então escaneado para registrar α e inclinação w de sua OU para fornecer uma distribuição posterior de taxa de adaptação (α) e limitação de dispersão (w), respectivamente.

3.2. Avanços teóricos e metodológicos em Ecologia de Comunidades

Coordenadores dos projetos do GT (*PIs*): Leandro da Silva Duarte e Sandra Cristina Muller (UFRGS), Marcus Vinicius Cianciaruso e Mário-Almeida Neto (UFG).

O GT “Avanços teóricos e metodológicos em Ecologia de Comunidades” tem como objetivo o desenvolvimento e aplicação de abordagens inovadoras para elucidação de padrões, processos e mecanismos ecológicos e evolutivos atuando em comunidades biológicas. Para tanto serão integradas análises em múltiplas escalas espaciais (indivíduos, populações, comunidades e biomas) e temporais (componentes micro e macroevolutivos). A partir da execução dos estudos propostos nas linhas de pesquisa deste projeto será possível avançar no entendimento sobre a influência de múltiplos processos biológicos, bem como sobre padrões de coexistência, e até que ponto tais padrões são afetados por gradientes ambientais do presente ou passados.

Evolução de estratégias adaptativas em borboletas frugívoras: testando a hipótese de Grime

Os dados de borboletas frugívoras foram coletados nas campanhas de 2019 até 2021, em propriedades particulares nos municípios de Quaraí, São Gabriel, Jaguarão e na Estação Experimental Agronômica da UFRGS, no município de Eldorado do Sul. As análises destes dados foram incluídas na tese da Dr. Aline Richter. Em um dos trabalhos, foi avaliado como as condições de micro-habitat e paisagem afetam a ocorrência e a abundância de borboletas frugívoras em diferentes comunidades no bioma Pampa, sul do Brasil. Também foi investigado como as características intrínsecas da comunidade (e.g., tamanho), podem afetar a relação entre as espécies e os ambientes. Foi encontrado que as variáveis da paisagem contribuem mais para explicar a variação na ocorrência de espécies, enquanto o micro-habitat e atributos relacionados a dispersão das espécies são mais críticos para explicar variações na abundância das espécies. A riqueza e abundância de borboletas foram baixas sob altas temperaturas, e estes ambientes são caracterizados por espécies com baixa habilidade de voo. Espécies mais móveis são beneficiadas por um aumento na homogeneização da paisagem. Também foi constatado que comunidades maiores em números de indivíduos são mais movidas por filtros ambientais do que comunidades menores. O artigo científico contendo esses achados está sendo preparado e vai ser submetido para a revista *Journal of Animal Ecology*.

Com os dados de borboletas coletadas, também foi gerado o guia de identificação de borboletas frugívoras do Pampa Gaúcho, intitulado: *Borboletas Do Pampa* (Figs. 3.2.1; 3.2.2). Este guia foi idealizado como uma forma de expandir o conhecimento científico para além dos limites da universidade, com uma linguagem acessível ao público leigo e tendo informações relevantes sobre a ecologia de borboletas frugívoras, métodos de coleta, curiosidades, informações sobre o bioma Pampa, e as relações das borboletas com este ambiente. O guia apresenta fotos de vista dorsal e frontal de 42 espécies de borboletas, distribuídas nas 4 subfamílias que representam as borboletas frugívoras (Biblidinae, Charaxinae, Nymphalinae e Satyrinae).

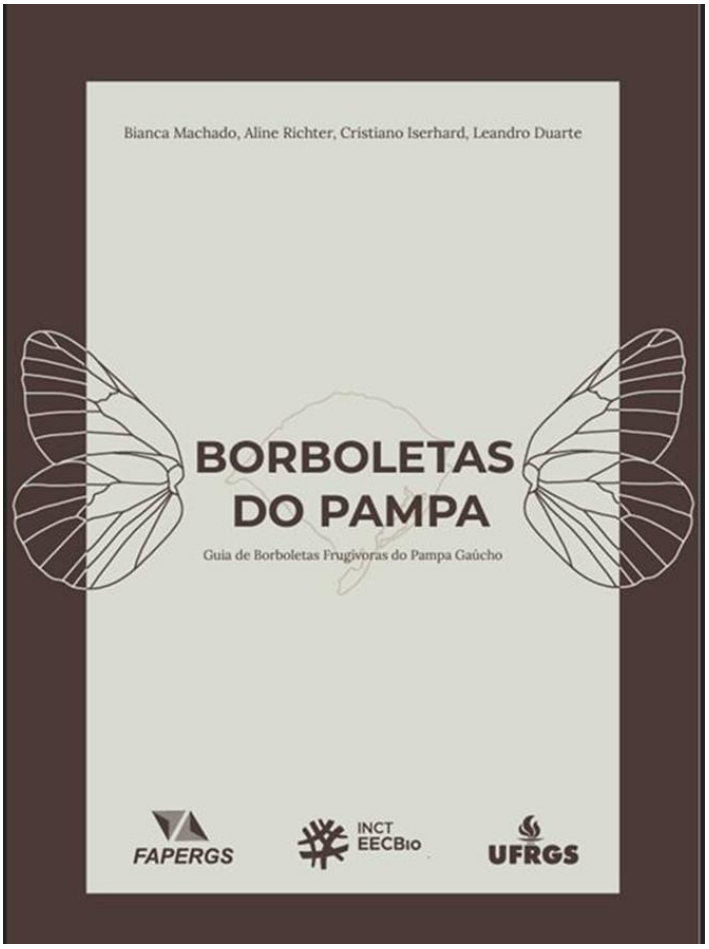


Fig. 3.2.1 Guia de borboletas do Pampa, produto do GT.



Fig. 3.2.2 Guia de borboletas do Pampa, produto do GT.

Neste período também foi realizado um outro trabalho que fez parte da tese da Dr. Aline Richter, onde foram avaliados os padrões e mecanismos que atuam na distribuição da diversidade das borboletas frugívoras, utilizando uma compilação de dados para o grupo em todo bioma Mata Atlântica. Foram utilizados dados de ocorrência de borboletas frugívoras de 60 comunidades ao longo da Mata Atlântica (Tabela 3.2.1). O trabalho mostrou que as comunidades de borboletas frugívoras são principalmente compostas de espécies raras, e a ocorrência de espécies é determinada primariamente por condições microclimáticas. Os atributos das espécies explicaram mais de 50% da variação no nicho da espécie, e foi detectado conservação de nicho filogenético na resposta das espécies. Ao nível de comunidade, a riqueza e proporção de espécies têm

respostas similares e positivas a variáveis ambientais. Esses resultados mostram a importância da paisagem e variáveis climáticas na estruturação da ocorrência de espécies de borboletas na Mata Atlântica, enfatizando a função dos atributos e a filogenia em definir o nicho das espécies. Este trabalho está sendo finalizado e será submetido à revista *Journal of Animal Ecology.*

Tabela 3.2.1 Lista de ambientes amostrados através da metodologia padronizada de coleta de borboletas frugívoras para Amazônia, Caatinga, Cerrado, Mata Atlântica e Pampa.

Bioma	**Tipo de Fitofisionomia**	**Localidade de Estudo**	**Autor/Ano**	**Período de Amostragem**
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Montana/Plantio eucalipto	Reserva do Morro Grande (SP)	Uehara-Prado et al. 2004	nov/01-mai/02
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Montanhosa/Área fragmentada	Reserva do Morro Grande (SP)	Uehara-Prado et al. 2005	nov/01-mai/02
Mata Atlântica	Floresta Estacional Semidecidual	PE Rio Doce (MG)	Silva et al. 2015	jun/05-mai/06
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa	São Luíz do Piraitinga (SP)	Ribeiro et al. 2010	jun/04-mai/05
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Mista/Densa	Flona-SFP/Maquiné (RS)	Santos et al., 2011	dez/06-abr/07; jan/08-dez/09
Mata Atlântica	Mata Paludosa	Planície Costeira Norte (RS)	Bellaver et al. 2012	jan,mai, nov/05; jan,mar/11
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Densa	PE Serra do Tabuleiro (SC)	Corso e Hernandez 2012	nov/09-ago/10
Mata Atlântica	Floresta Estacional Semidecidual/Plantio de café e cana	Alfenas (MG)	Brito et al. 2014	out/11-set/12
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Sub-montana/Plantio de cana/borda	Usina Serra Grande (AL)	Filgueiras et al. 2016	nov/12-jan/13
Mata Atlântica	Floresta Estacional Semidecidual	Serra da Bodoquena (MS)	Araujo, 2016	set/14-ago/15
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Sub-montana/Área agrícola/Floresta secundária	Planície costeira (PR)	Shuey et al. 2017	jan, mar, abr/11
Mata Atlântica	Floresta Estacional Semidecidual	Serra do Japi (SP)	Santos et al., 2017	out/11-set/12
Mata Atlântica	Floresta Ombrófila Mista	Flona-SFP (RS)	Richter, 2018	nov/16-mar/17; out/17-mar/18
Mata Atlântica	Mata de Restinga	Pelotas (RS)	Gallo 2018	dez/14-atual
Amazônia	Floresta Tropical/Plantio de eucalipto/Floresta secundária	Divisa entre Pará e Amapá (PA)(AP)	Barlow et al. 2007	mai/04-fev/05
Amazônia	Floresta tropical/Corte seletivo	*Precious woods amazon* (AM)	Ribeiro e Freitas 2012	jul-nov/07
Amazônia	Floresta Tropical	Reserva Ducke (AM)	Graça et al. 2015	jun-ago/13
Amazônia	Floresta Tropical/Floresta de areia branca/Área aberta	Parna Viruá (RR)	Graça et al. 2017	mai-jun/15
Amazônia	Floresta Tropical/Floresta de areia branca/Floresta hidromórfica	Parna Viruá (RR)/PDBFF (AM)/ Parna Chandless (AC)	Graça et al. 2017	mai-out/15
Amazônia	Floresta tropical	São José do Ribamar (MA)	Martins et al. 2017	abr/12-mai/13
Amazônia	Floresta Tropical	PDBFF (AM)	Spaniol, 2018 (não-publicado)	ago/15 e set/16
Cerrado	Mata de Galeria/Cerrado sensu stricto/Campo sucessional	JBB (DF)	Pinheiro e Ortiz, 1992	abr/88-mar/89
Cerrado	Mata de Galeria	Parna Serra da Canastra (MG)	Marini-Filho e Martins, 2010	Mar/99-dez/00
Cerrado	Campos rupestres/Vegetação ripária	APE Mutuca (MG)	Silva et al. 2015	out/08-set/09
Cerrado	Mata de Galeria/Cerrado *sensu stricto*	FAL/RECOR/JBB (DF)	Freire JR, 2015	jul/12-jun/13
Caatinga	Gradiente entre área arbustiva e locais com distúrbio	PN Catimbau (PN)	Nobre et al. 2012	set/05-ago/06
Caatinga	Caatinga arbustiva/campos rupestres	Morro do Chapéu/Senhor do Bonfim (BA)	Zacca e Bravo 2012	nov/08-dez/09

Caatinga*	Caatinga arbustiva/campos rupestres	?	Zikán 2018 (não-publicado)	Atual
Pampa	Capão de mata no campo nativo	JGR/SFA/SVS (RS)	Paz et al. 2014	jan/10-dez/11
Pampa	Transição Mata Atlântica com Pampa	Santa Maria (RS)	Spaniol e Morais, 2015	out/11-mar/12

As áreas de coleta de borboletas frugívoras, originalmente amostradas entre 2019 e 2021 em propriedades particulares nos municípios de Quaraí, São Gabriel e Jaguarão, bem como na Estação Experimental Agronômica da UFRGS (Eldorado do Sul), foram expandidas para duas novas regiões, a Fundação Maronna (Alegrete) e na Serra do Sudeste. A coleta seguiu métodos padronizados para borboletas frugívoras na região Neotropical, utilizando armadilhas adaptadas do modelo Van Someren-Rydon para borboletas frugívoras, compreendendo iscas com uma mistura fermentada de banana e caldo de cana.

O desenho amostral inclui cinco unidades amostrais de campos nativos e cinco de fragmentos florestais por sítio, compreendendo cinco armadilhas por unidade amostral, totalizando 50 armadilhas por sítio. As armadilhas permaneceram em campo por quatro dias, sendo verificadas diariamente para substituição das iscas e a identificação dos indivíduos capturados. Para evitar a recontagem, todos os indivíduos identificados em campo e posteriormente soltos foram marcados com números sequenciais.

Os exemplares que não puderam ser identificados em campo foram coletados e fixados para posterior identificação. Além disso, pelo menos cinco indivíduos de cada espécie foram fixados para medições de atributos funcionais, quando houve dimorfismo sexual, cinco indivíduos de cada sexo também foram fixados. As borboletas coletadas já foram fixadas, fotografadas e identificadas até o nível de espécie sempre que possível. Os espécimes de identificação mais complexa foram encaminhados a especialistas para confirmação taxonômica.

Foram coletados um total de 957 indivíduos distribuídos em 28 espécies e 25 gêneros pertencentes às quatro subfamílias de borboletas frugívoras (Biblidinae, Charaxinae, Nymphalinae e Satyrinae) (Tabela 3.2.2). Satyrinae foi a mais abundante (87,4%), sendo que 94,28% dos indivíduos pertencem à tribo Satyrini. Biblidinae foi a segunda subfamília mais abundante (8,05%), seguido de Charaxinae (4,18%) e Nymphalinae (0,1%). Os tratamentos de floresta foram mais ricos e mais abundantes do que os tratamentos de campo. O sítio que compreende a Serra do Sudeste foi o mais rico (22 espécies), entretanto, o menos abundante (339 indivíduos). Enquanto isso, Alegrete foi o sítio menos rico (10 espécies) e mais abundante (618 indivíduos).

Os dados obtidos serão utilizados em dois estudos. O primeiro avaliará a relação entre a diversidade e a composição de espécies de borboletas frugívoras nos diferentes habitats (florestais e campestres) do bioma Pampa, no sul do Brasil. O segundo investigará características intrínsecas das assembleias de borboletas frugívoras e sua relação com os habitats florestais e campestres, com ênfase nos efeitos do ambiente sobre a história evolutiva e a diversidade funcional das espécies.

Tabela 3.2.2 Lista de espécies de borboletas frugívoras amostradas em duas localidades do Pampa brasileiro - Alegrete (A) e Serra do Sudeste (SS) - em tratamentos de campo e floresta.

	Campos		**Florestas**		**Total**
Subfamília/Tribo/*Espécie*	**A**	**SS**	**A**	**SS**	
Biblidinae	**5**	**67**	**3**	**1**	**76**
Biblidini	2		3		5
Biblis hyperia (Cramer, 1779)	2		3		5
Callicorini	3	58			61
Catagramma pygas (Godart, [1824])		3			3
Diaethria candrena (Godart, [1824])	4	51			55
Haematera pyrame (Hübner, [1819])		4			4
Epicaliini		1			1
Catonephele sabrina (Hewitson, 1852)		1			1
Epiphilini		1		1	2
Epiphile hubneri Hewitson, 1861		1		1	2
Eunicini		7			7
Eunica eburnea Fruhstorfer, 1907		7			7
Charaxinae	**1**	**28**	**1**	**10**	**40**
Anaeini	1	23		7	31
Memphis moruus (Fabricius, 1775)	1			2	3
Zaretis strigosus (Gmelin, [1790])		23		5	28
Preponini		5	1	3	9
Archaeoprepona amphimachus (Fabricius, 1775)		5		1	6
Archaeoprepona demophon (Linnaeus, 1758)			1		1
Archaeoprepona demophoon (Hübner, [1814])				1	1
Prepona pylene Hewitson, [1854]				1	1
Nymphalinae		**1**			**1**
Nymphalini		1			1
Smyrna blomfildia (Fabricius, 1781)		1			1
Satyrinae	**56**	**176**	**552**	**56**	**840**
Brassolini		2		15	17
Caligo martia (Godart, [1824])				2	2
Eryphanis reevesii (E. Doubleday, [1849])		1		7	8
Opoptera sulcius (Staudinger, 1887)				5	5
Opsiphanes invirae (Hübner, [1808])		1		1	2
Morphini				31	31

Morpho epistrophus (Fabricius, 1796				31	31
Satyrini	55	174	552	10	791
Capronnieria galesus (Godart, [1824])		5			5
Cissia eous (Butler, 1867)	1		63		64
Cissia phronius (Godart, [1824])		6	185		191
Forsterinaria quantius (Godart, [1824])				7	7
Hermeuptychia sp Forster, 1964	1		4		5
Moneuptychia soter (Butler, 1877)			8		8
Paryphthimoides poltys (Prittwitz, 1865)			191	1	192
Yphthimoides celmis (Godart, 1824])	38	134	1		173
Não identificadas	15	29	100	2	146
	62	**272**	**556**	**67**	**957**

Atributos fenotípicos de plantas predizem a performance populacional e o funcionamento de comunidades em florestas tropicais?

Durante 2021-2023, seguimos as avaliações do papel de atributos funcionais em processos ecológicos nas comunidades. Os trabalhos foram focados principalmente em comunidades de plantas (Bordin et al. 2023, Klipel et al. 2023), assembleias de peixes (Rocha et al. 2023), e restauração ecológica (Coutinho et al. 2023). Buscando promover a integração entre os membros do GT, também foi realizado um workshop presencial em janeiro de 2023, com duração de cinco dias. Delineamos um manuscrito durante essa atividade, onde buscamos responder de que forma atributos funcionais das espécies de árvores influenciam seu crescimento. Este manuscrito atualmente encontra-se em preparação para submissão, e os dados que o compõem derivam de uma compilação de dados realizada ao longo do desenvolvimento do projeto junto ao INCT.

Atributos funcionais são ferramentas que permitem acessar os mecanismos que determinam a estruturação e funcionamento de comunidades. Neste sentido, Klipel et al. (2023) investigaram como gradientes ambientais atuam sobre a biodiversidade de florestas subtropicais na Mata Atlântica. Diversos padrões emergiram, evidenciando o papel da altitude e fertilidade do solo em determinar a riqueza de espécies, diversidade filogenética, e diversidade de tamanho de folhas, massa de sementes, e densidade da madeira de árvores nas comunidades florestais. O efeito dessas variáveis está relacionado às condições ambientais mais severas encontradas em áreas de altas altitudes. Além da estruturação e dinâmica natural de comunidades e ecossistemas,

outros fatores podem estar ligados à biodiversidade encontrada em ambientes naturais, como por exemplo, a introdução de espécies exóticas.

Rocha et al. (2023) avaliaram através de uma revisão sistemática da literatura, as consequências ecológicas e socioeconômicas da invasão de peixes exóticos sobre a biodiversidade de ecossistemas aquáticos no Brasil. De acordo com os autores, existem muitas lacunas sobre os impactos da presença de espécies exóticas nesses ambientes, o que afeta medidas de manejo e políticas de conservação da biodiversidade. Manter a biodiversidade em florestas também é um desafio recorrente, especialmente considerando cenários de mudanças climáticas. Muitos esforços vêm sendo destinados em ferramentas para maximizar a remoção de carbono da atmosfera (resultados obtidos através da avaliação do balanço líquido de carbono em florestas), mas de que forma esse balanço se relaciona com a biodiversidade não é claro. Desse modo, Bordin et al. (2023) mostraram que o balanço líquido de carbono não é correlacionado com a diversidade taxonômica, funcional, ou filogenética em florestas subtropicais na Mata Atlântica. Isso indica que se os esforços de mitigação de mudanças climáticas forem apenas para manter florestas onde a absorção do carbono da atmosfera é maior, a conservação da biodiversidade será negligenciada. Deste modo, é necessário desenvolver métodos que permitam atingir múltiplos objetivos, tanto em conservação quanto em restauração desses ambientes. Neste sentido, Coutinho et al. (2023) desenvolveram um *framework* para auxiliar na seleção de espécies para atingir diferentes objetivos na restauração de comunidades, tanto em termos funcionais (e.g., diversidade ou composição funcional), quanto na riqueza de espécies. Essa ferramenta considera diferentes parâmetros para auxiliar a seleção de espécies, como a disponibilidade no mercado e o seu custo, por exemplo.

No contexto deste projeto foi realizado, no primeiro workshop presencial do GT depois da pandemia, em fevereiro de 2023, os pesquisadores discutiram trabalhos relacionados à demografia de espécies de árvores e o poder preditivo de atributos funcionais sobre estes parâmetros demográficos (Fig. 3.2.3). Foram discutidos aspectos relativos à melhor forma de realizar as estimativas de crescimento e sobrevivência de espécies arbóreas, seleção do conjunto de atributos funcionais apropriados para testar as relações com a sobrevivência e crescimento de espécies, além de métodos analíticos para corrigir a não-independência de espécies e seus atributos funcionais. Foram realizadas análises preliminares, e discutidos os próximos passos ligados ao desenvolvimento do projeto. O workshop teve a participação de cinco pesquisadores do INCT EECBio, Leandro da Silva Duarte (UFRGS), Marcus V. Cianciaruso (UFG), Sandra Cristina Müller (UFRGS), Cristiano Agra Iserhard (UFPel), e a bolsista DTI Kauane Maiara Bordin (UFRGS).

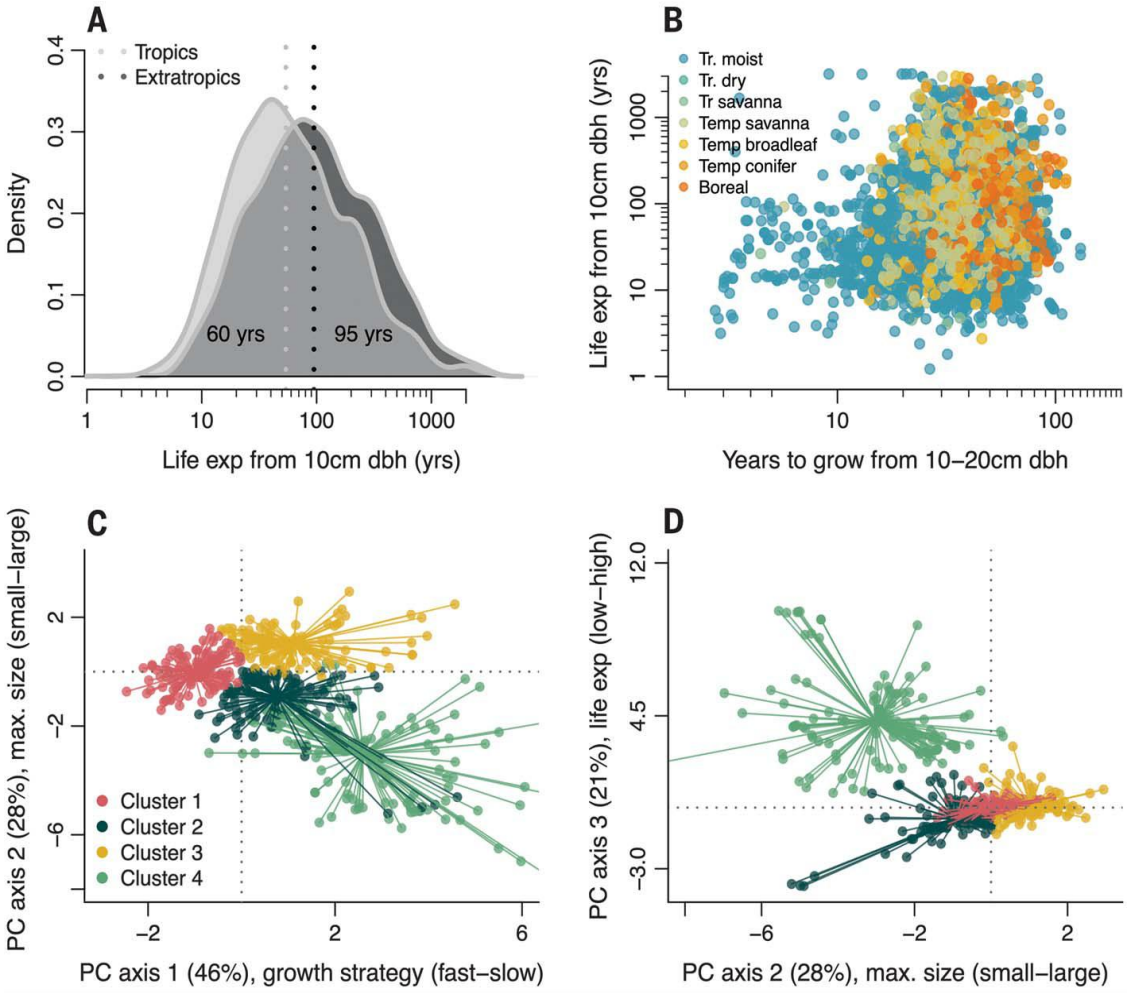


Fig. 3.2.1. Workshop do GT em fevereiro de 2023, na UFRGS, discutindo aspectos demográficos de árvores e suas relações com atributos funcionais.

Como resultado das discussões sobre como atributos fenotípicos de plantas predizem a performance populacional e o funcionamento de comunidades em florestas tropicais, nosso GT publicou em 2024 e 2025 os seguintes produtos:

Bialic-Murphy, L., McElderry, R. M., Esquivel-Muelbert, A., van den Hoogen, J., Crowther, T. W…. Bordin, K.M… **Müller S.C**., et al. 2024. The pace of life for forest trees. *Science* 386: 92–98.

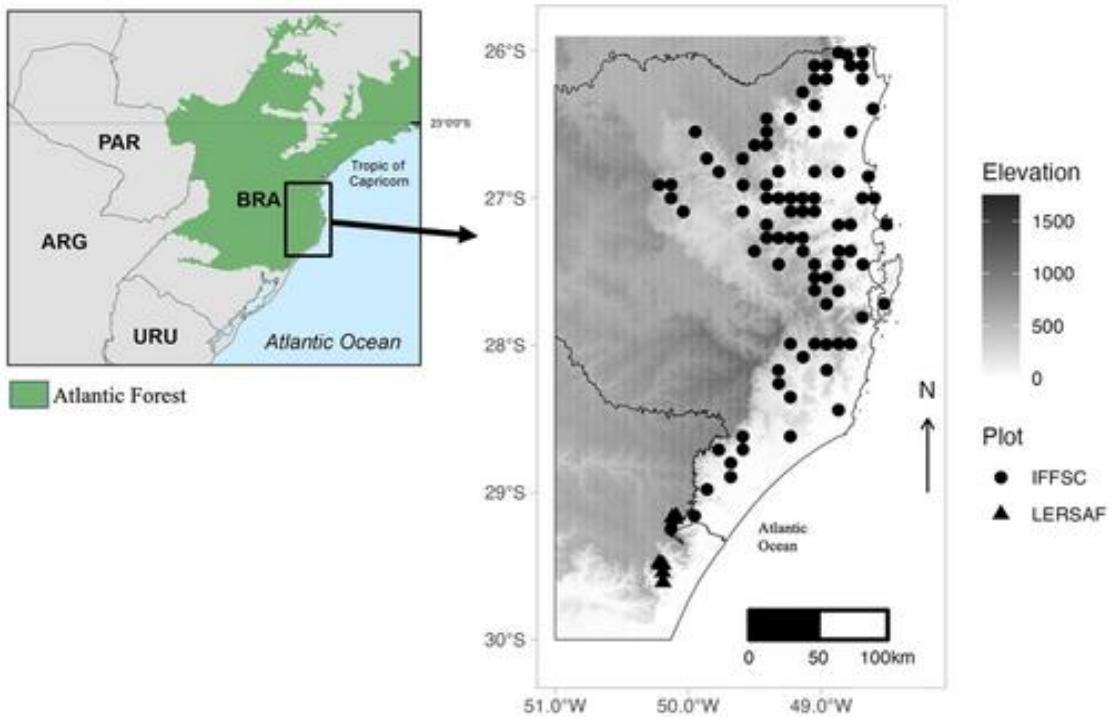
O tamanho máximo, a taxa de crescimento e a longevidade das árvores determinam a taxa de acumulação de carbono nas florestas. Pensa-se que esses traços de história de vida estejam correlacionados, mas os estudos têm sido limitados a escalas locais em sistemas tropicais. Neste estudo, utilizamos dados sobre o tamanho e o status de árvores de mais de 1000 espécies na América do Norte, Central e do Sul para mostrar que essas relações são mais complexas. De forma inesperada, encontramos correlações positivas fracas entre medidas de tamanho, longevidade e taxa de crescimento. No entanto, as espécies se agruparam em quatro tipos: uma espécie de crescimento rápido e três grupos de espécies de crescimento lento que variavam de pequenas e longevas a grandes e de vida curta. Espécies em regiões frias tenderam a crescer mais lentamente e a viver mais tempo, mas esses traços foram amplamente independentes.



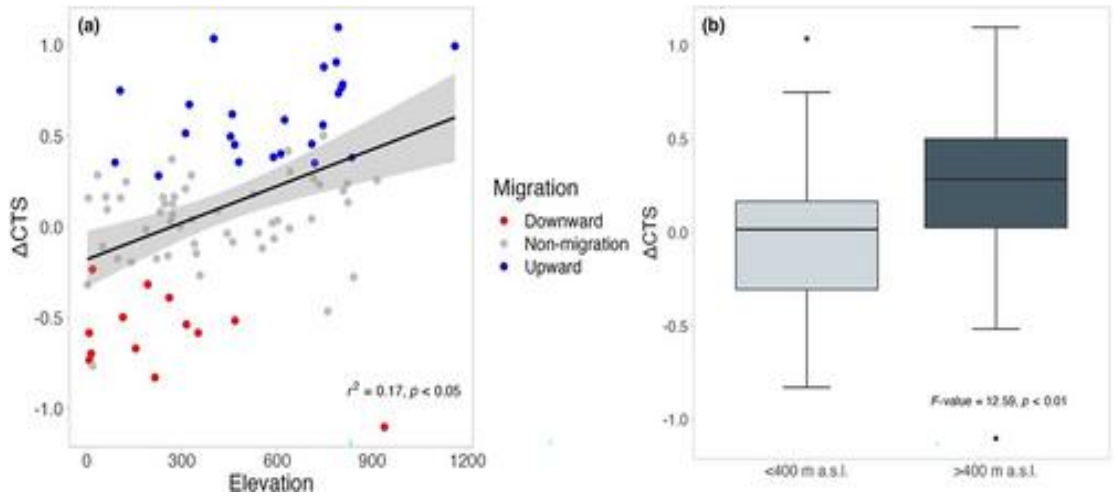
A Ilustração acima mostra as relações entre crescimento, longevidade e porte das árvores e os principais tipos funcionais demográficos. A expectativa de vida média é maior nas regiões extratropicais do que nos trópicos (A), com variação substancial entre estratégias de crescimento e expectativas de vida das árvores (B) (N = 6847, ou seja, espécie X ID da grade). Os principais tipos funcionais de crescimento-longevidade-porte são apresentados em (C e D), sendo determinados por meio do algoritmo de agrupamento k-means aplicado aos escores da análise de componentes principais (PCA) dos traços de história de vida. Os pesos dos componentes principais (PC) e as correlações entre traços estão reportados na tabela S3. A densidade de frequência (A) e os traços de história de vida (B) são escalonados pelo logaritmo natural. Os pontos de dados são específicos para cada espécie e foram calculados a partir de observações individuais de árvores e modelos integrais de projeção dependentes do tamanho.

Bergamin, R. S., Bastazini, V. A. G., Esquivel-Muelbert, A., Bordin, K. M., Klipel, J., Debastiani, V. J., Vibrans, A. C., Loyola, R. and Müller, S. C. 2024. Elevational shifts in tree community composition in the Brazilian Atlantic Forest related to climate change. - *Journal of Vegetation Science 35:* e13289.

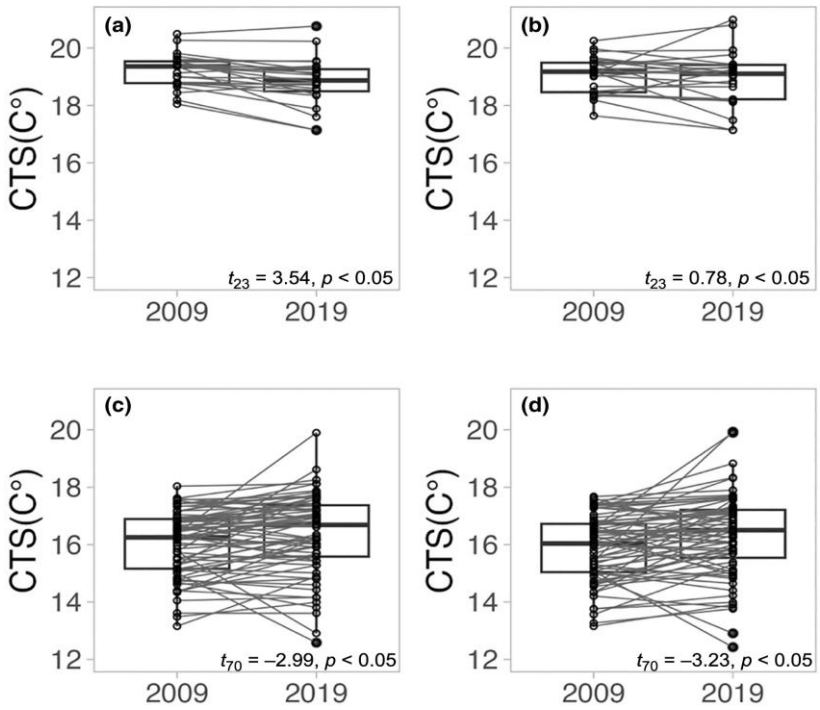
Neste artigo, investigamos as tendências de migração na composição da comunidade arbórea ao longo de um gradiente altitudinal na Mata Atlântica brasileira, analisando 627 espécies em 96 parcelas permanentes. Utilizamos as afiliações térmicas das espécies para calcular os escores de temperatura da comunidade (CTS) em diferentes estágios de vida e ao longo do tempo. A maioria das comunidades (58%) não apresentou diferenças significativas entre estágios de vida, sugerindo ausência de migração, enquanto 27% mostraram migração ascendente, mais comum em florestas montanas, e 15% migração descendente, predominante em florestas de terras baixas. A análise temporal revelou mudanças significativas nos CTS das comunidades juvenis, com um aumento de 0,34°C nas florestas montanas e uma redução de 0,36°C nas florestas de terras baixas. Esses padrões contrastantes indicam que a zona de transição influencia a migração, refletindo tanto as limitações térmicas das espécies quanto fatores não térmicos, como interações bióticas. Nossos resultados fornecem a primeira evidência de mudanças na composição das comunidades arbóreas da Mata Atlântica induzidas pelas mudanças climáticas, destacando o risco crescente para espécies adaptadas ao frio.



A região de estudo na Mata Atlântica Sul e localização das 96 parcelas de inventário ao longo do gradiente altitudinal, a partir da qual parcelas do Inventário Florístico e Florestal de Santa Catarina (IFFSC) foram utilizadas para análises espaciais, enquanto as do Programa de Pesquisa Ecológica de Longa Duração na Mata Atlântica Subtropical (LERSAF) foram empregadas para análises temporais.



Diferenças entre estágios de vida ao longo da elevação. (a) Relação entre as diferenças nos escores de temperatura da comunidade obtidos por bootstrap (ΔCTS) para juvenis em relação aos valores de CTS dos adultos em 88 comunidades ao longo do gradiente altitudinal na Floresta Úmida Atlântica. (b) Diferenças de ΔCTS entre florestas de terras baixas–submontanas e florestas montanas–altomontanas.

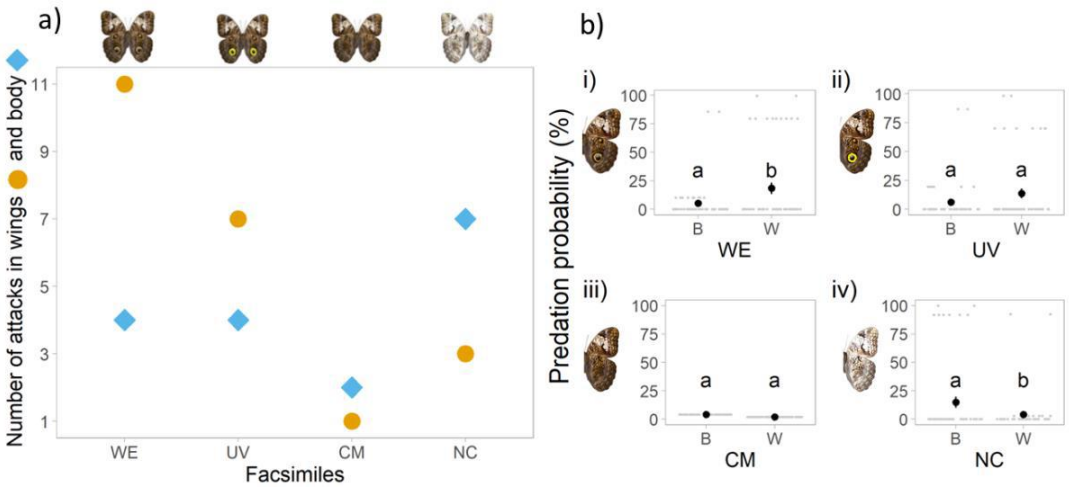


Comparações dos escores de temperatura da comunidade (CTS) das comunidades juvenis entre censos. Aqui mostramos: (a) Floresta Atlântica Submontana Úmida considerando o número de indivíduos por espécie; e (b) a área basal por espécie. (c) Floresta de Araucária considerando o número de indivíduos por espécie; e (d) a área basal por espécie.

Iserhard, C. A., Malta, S., Penz, C., Fraga, B. B., Costa, C. A., Schwantz, T. and Bordin, K. M. 2024. The large and central *Caligo martia* eyespot may reduce fatal attacks by birds: a case study supports the deflection hypothesis in nature. - Peer Community Journal.

Muitos animais possuem colorações que lembram olhos, mas as funções dessas manchas oculares são debatidas. As borboletas *Caligo martia* (Godart, 1824) possuem grandes manchas oculares ventrais nas asas posteriores, e o objetivo deste estudo foi testar se essas manchas atuam para desviar ou frustrar ataques de aves por meio de intimidação em uma comunidade natural na Floresta de Restinga no sul da América do Sul. Utilizamos quatro tipos de facsímiles de papel: *C. martia* não manipulada (com manchas oculares, WE), facsímiles com manchas oculares aumentadas por UV (UV), facsímiles camuflados sem manchas oculares (CM), e facsímiles de cores claras, não camuflados e sem manchas oculares (NC). Foram realizados dois experimentos: o Experimento 1 usou facsímiles na posição natural de descanso, e no Experimento 2 os facsímiles foram posicionados com as asas abertas, com as superfícies ventrais das

asas e o corpo expostos aos observadores. Em ambos os experimentos, os facsímiles foram colocados em dois locais da floresta, organizados em 50 blocos com quatro facsímiles cada, sendo verificados quanto a ataques de predadores a cada 24 horas por cinco dias consecutivos. Enquanto os facsímiles WE e UV foram majoritariamente atacados em áreas não vitais (asas), a maioria dos ataques das aves nos facsímiles CM foi dirigida a áreas vitais do corpo. Notavelmente, os facsímiles CM apresentaram menor probabilidade de ataque do que os WE, UV e NC. Nossos resultados indicam que as manchas oculares de *C. martia* parecem ter uma função de deflexão. As manchas oculares não reduziram as taxas de ataque, sugerindo que as aves locais não foram intimidadas. Tanto as manchas oculares quanto a camuflagem podem ser considerados traços funcionais eficientes na defesa contra a predação em ambientes florestais, e experimentos focados em predadores e presas locais são essenciais para entendermos a evolução dos padrões de asas em Lepidoptera.



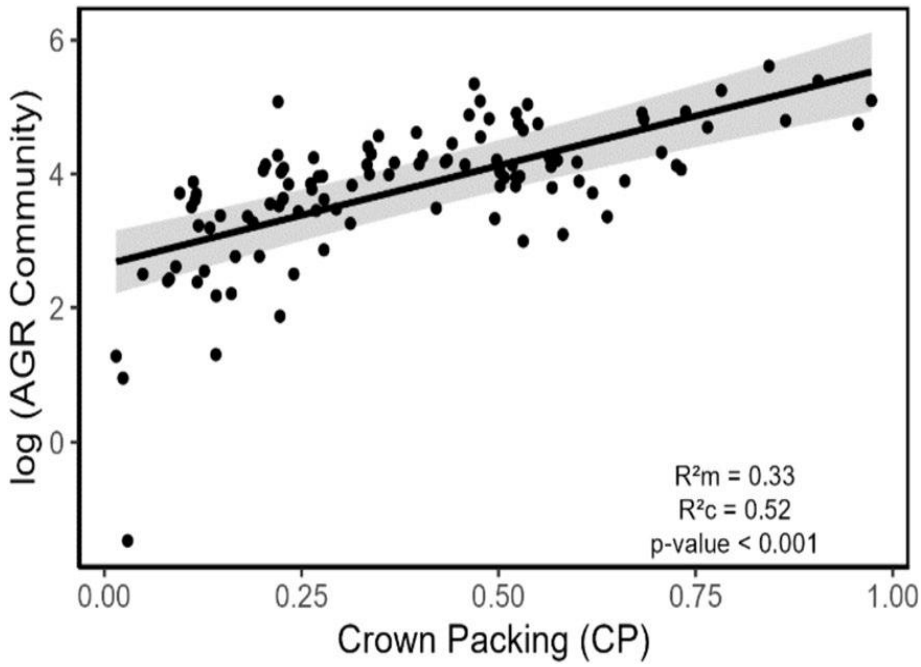
A probabilidade de predação nas asas e no corpo entre diferentes facsímiles de borboletas *Caligo martia*. (a) Número de ataques nas asas (círculos) e no corpo (diamantes) para os quatro facsímiles no Experimento 2. (b) Comparações da probabilidade de predação nas asas (W) ou no corpo (B) entre os facsímiles. Letras diferentes indicam diferenças significativas na probabilidade de predação, enquanto letras iguais indicam ausência de diferenças. Abreviações e figuras no painel (b): (i) WE, facsímile com manchas oculares originais; (ii) UV, manchas oculares aprimoradas com tinta ultravioleta; (iii) CM, manchas oculares removidas, cor de fundo original; (iv) NC, cor de fundo mais clara.

Klipel, J., Bergamin, R. S., Bordin, K. M., Picolotto, R. C., Müller, S. C. and de Bello, F. 2024. The effect of neighbor species' phylogenetic and trait difference on tree growth in subtropical forests. - *Journal of Vegetation Science 35*: e13296.

Este estudo investiga como as interações bióticas entre árvores influenciam o crescimento de indivíduos dentro de uma comunidade florestal subtropical. Analisamos as taxas de crescimento de árvores em três classes (lento, intermediário e rápido) com base em fatores como distância filogenética, densidade de madeira (WD), área foliar específica (SLA) e área foliar (LA), além da posição na copa. Os resultados mostram que a distância filogenética está associada a maior crescimento, e que árvores cercadas por vizinhos com características como maior SLA ou WD tendem a crescer melhor, dependendo de sua posição e classe de crescimento. Áreas de maior SLA e WD nas comunidades favorecem o crescimento das árvores de crescimento rápido. Concluímos que o crescimento das árvores é mediado pelas interações ecológicas, e que a taxa intrínseca de crescimento de cada árvore influencia a resposta a esses competidores.

Klipel, J., da Cunha Morales, D., Bordin, K. M., Picolotto, R. C., Scarton Bergamin, R. and Müller, S. C. 2024. The role of tree crown on the performance of trees at individual and community levels: whole-phenotypic context matters. - Plant Ecol 225: 907–918.

Este estudo investiga como características funcionais das árvores, como área da copa e massa de folhas por área (LMA), se relacionam com taxas de crescimento absoluto e relativo, levando em consideração o contexto fenotípico e o uso dessas variáveis a nível individual. A área da copa de 1144 árvores individuais foi analisada juntamente com o LMA, visando entender como essas características influenciam o desempenho das árvores. Observou-se que a massa fotossintética total (que integra a área da copa e o LMA) explicava positivamente as taxas de crescimento absoluto das árvores, com um efeito mais intenso em árvores mais altas. Contudo, essas variáveis não previram as taxas de crescimento relativo das árvores. Além disso, a densidade de arranjo da copa aumentou a taxa de crescimento comunitária dentro das parcelas, sugerindo que um maior empacotamento da copa facilita a interceptação eficiente de luz. O estudo destaca a importância de medir a área da copa em inventários florísticos e pesquisas focadas no desempenho das árvores.

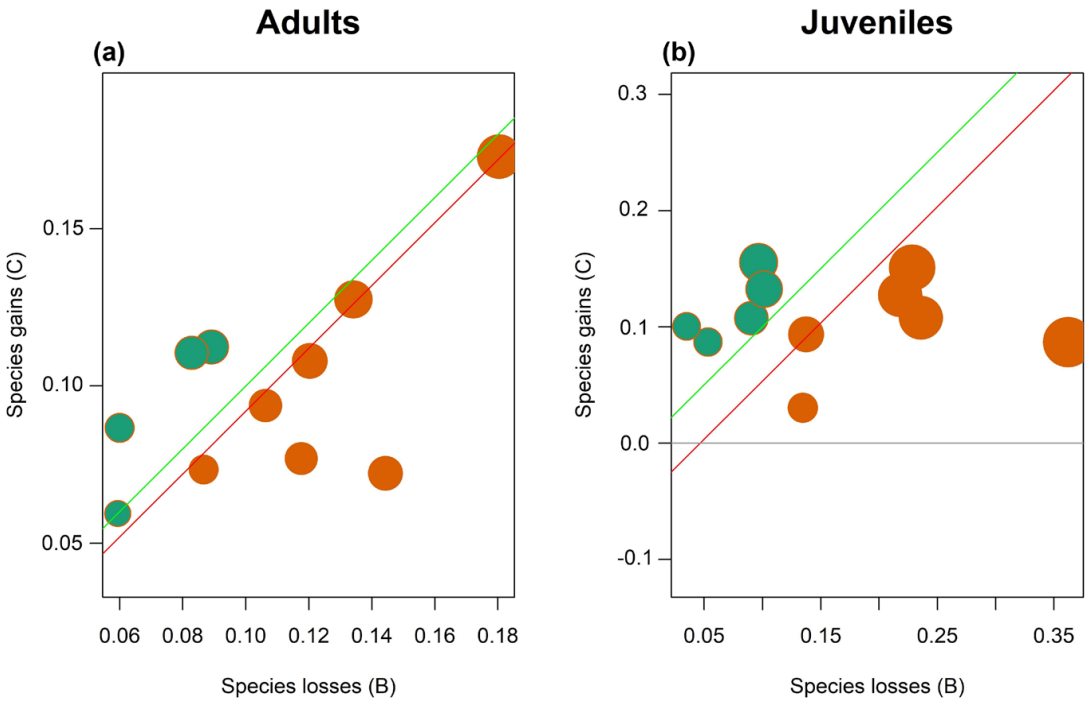


Relação entre a taxa de crescimento a nível comunitário (AGR média) e o empacotamento da copa (CP) nas florestas Atlânticas subtropicais do Brasil.

Freitag Kramer, J. M., Bordin, K. M., Scarton Bergamin, R., Klipel, J., Caroline Picolotto, R., Zanini, K. J., Zwiener, V. P. and Cristina Müller, S. Temporal changes in taxonomic and functional alpha and beta diversity across tree communities in subtropical Atlantic forests. - Oikos: e10961(online early)

A biodiversidade está mudando globalmente, mas como essas mudanças impactam a estrutura das comunidades ecológicas locais permanece incerto e debatido. Compreender se a biodiversidade aumenta, diminui ou se mantém estável em diferentes escalas é essencial para prever e gerenciar essas mudanças. Neste estudo, avaliamos a diversidade taxonômica e funcional temporal, tanto alfa quanto beta, das comunidades de árvores adultas e juvenis em 11 locais da Floresta Atlântica Subtropical Brasileira, com o objetivo de inferir sobre tendências e fatores que impulsionam as mudanças na biodiversidade. As comunidades de árvores foram avaliadas quanto a mudanças temporais em: 1) diversidade taxonômica e funcional alfa, 2) composição taxonômica e funcional (diversidade beta), e 3) identificação de potenciais fatores abióticos e bióticos dessas mudanças, considerando três censos ao longo de um período de 10 anos. Nossos resultados revelaram poucas mudanças e pouca direcionalidade na diversidade alfa temporal, mas evidenciaram mudanças direcionais na diversidade beta temporal. Além disso, a taxa de mudança foi ligeiramente semelhante para as comunidades de árvores adultas e juvenis, considerando tanto a diversidade alfa quanto a beta temporal.

A diversidade beta diminuiu ao longo do tempo, sendo mais pronunciada na dissimilaridade taxonômica do que na funcional, sugerindo uma homogenização taxonômica dentro dessas florestas. Nossos achados oferecem importantes insights que ajudam a esclarecer os resultados mistos sobre as tendências da biodiversidade, mostrando que a diversidade beta temporal é um indicador mais sensível das mudanças nas comunidades do que a diversidade alfa temporal. O estudo destaca a perda ou ganho de espécies, o que pode influenciar o funcionamento do ecossistema, fornecendo informações cruciais para esforços de conservação e manejo. Com a maioria dos conjuntos de dados de séries temporais globais geograficamente inclinados para o Hemisfério Norte, estudos como o nosso são cada vez mais importantes para fornecer uma compreensão mais equilibrada das mudanças globais na biodiversidade.

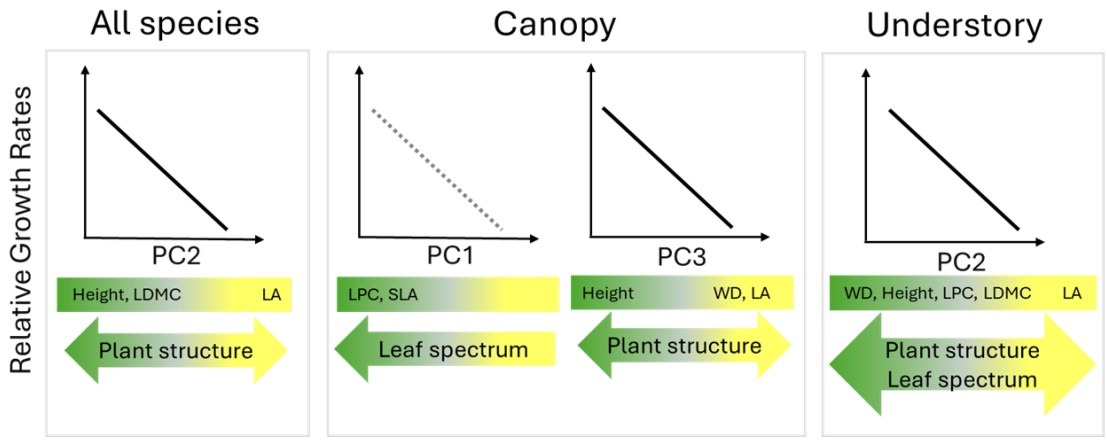


Relação entre os componentes de perdas e ganhos de dissimilaridade com base na abundância por espécie em cada parcela de T1 (2009) até T3 (2019/2020 ou 2022) para as comunidades de árvores adultas (a) e juvenis (b). As 11 parcelas são representadas por círculos. Círculos laranja representam onde as perdas foram dominantes e círculos verdes indicam onde os ganhos foram o processo predominante nas mudanças da composição da comunidade. O tamanho do círculo é proporcional aos valores de dissimilaridade. A linha verde representa as posições teóricas dos sites onde os ganhos seriam iguais às perdas. A linha vermelha foi desenhada paralela à linha verde, passando pelo centróide dos pontos. A posição da linha vermelha abaixo da linha

verde indica que há mais perdas do que ganhos, enquanto sua posição acima da linha verde indicaria mais ganhos do que perdas. Como a posição da linha vermelha está abaixo da linha verde, em média, há mais perdas do que ganhos na dissimilaridade da comunidade ao longo do tempo, tanto para as comunidades adultas quanto para as juvenis.

Ainda, temos dois artigos em revisão ligados a essa temática de atributos funcionais e estabelecimento de plantas:

Bordin, K.M,, Cianciaruso, MV., Duarte, L.S., … Müller, S.C. Tall stature and small leaves: ecological strategies that enhance tree growth across the subtropical Brazilian Atlantic Forest - em revisão na revista Oikos



Neste trabalho mostramos que estratégias ecológicas que incluem maior altura e menos área foliar tendem a aumentar o crescimento relativo de espécies de árvores em florestas subtropicais na Mata Atlântica brasileira.

Coutinho, A.G., Nunes, A., Branquinho, C., Carlucci, M**., Cianciaruso, M.V.** (em revisão). Boosting multifunctionality through adaptive trait-based species addition in ongoing restoration projects. Ecological Applications.

As práticas de restauração baseadas em características continuam a ganhar força, mas ainda há uma ausência de métodos eficazes para monitorar o progresso da restauração e, se necessário, modificar sua composição de espécies para alcançar múltiplos objetivos de restauração. Esse desafio é ainda maior quando os paisagens de

restauração são frequentemente heterogêneas, tanto espacial quanto temporalmente, devido à aplicação de diferentes técnicas e campanhas de restauração, principalmente em projetos de longo prazo, criando uma paisagem com diferentes níveis de múltiplas funções ecossistêmicas (multifuncionalidade). Durante o processo de recuperação, pode ser necessário aumentar a multifuncionalidade, ou uma função ecossistêmica específica, do zero ou além do que é fornecido pelas espécies previamente plantadas ou aquelas estabelecidas por regeneração natural. No entanto, esses aspectos são pouco explorados na ecologia de restauração, principalmente devido à falta de estruturas operacionais. Utilizando dados de uma restauração em pedreira de 40 anos em Portugal, avaliamos os níveis atuais de multifuncionalidade e como recuperar ou aumentar a resistência à seca, resiliência ao fogo, polinização, dispersão de sementes e estrutura da vegetação. Encontramos que a multifuncionalidade atual é muito heterogênea entre os locais de restauração dentro da paisagem restaurada. A regeneração natural é a principal responsável pelos níveis atuais de multifuncionalidade, mas demonstramos que ela pode ser consideravelmente aumentada pela seleção baseada em características de novas espécies e indivíduos nas comunidades vegetais estabelecidas. Além disso, mostramos que níveis aprimorados de multifuncionalidade podem ser alcançados em futuros locais de restauração usando combinações otimizadas de espécies. Nosso estudo fornece importantes insights para a gestão adaptativa da restauração baseada em características e oferece uma estrutura para alcançar múltiplos objetivos em restaurações em andamento. Esperamos que os aspectos destacados aqui ajudem a tornar as abordagens baseadas em características mais atraentes para a prática de restauração.

Como desdobramento desse estudo que está em revisão no periódico *Ecological Applications,* estamos desenvolvendo um pacote para o ambiente R, conjuntamente com uma aplicação amigável no ambiente Shiny. O pacote está sendo desenvolvido pelo bolsista Vanderlei Debastiani, André G. Coutinho (pós-doutorando PPG Ecologia e Evolução/UFG), Marcos Carlucci (UFPR) e Marcus V Cianciaruso (UFG). Esse pacote será apresentado na forma de um manuscrito que está em preparação e deverá ser submetido para o periódico Methods in Ecology and Evolution. Maiores detalhes podem ser encontrados no relatório do Bolsista (Vanderlei Debastiani).

Finalmente, em 2024, fomos convidados a participar com dois capítulos no livro “Plant Functional Traits: Linking Climate and Ecosystem Functioning”, editado por Manoj Kumar (Indian Council of Forestry Research and Education, India), Rainer W. Bussmann (Departamento de Botânica, State Museum of Natural History Karlsruhe, Alemanha) e

Nathan G. Swenson (University of Notre Dame, EUA) e publicado pela editora Elsevier em fevereiro de 2025. Participamos com os seguintes capítulos:

Bordin, K. M., Morales, D. da C., Klipel, J., Bergamin, R. S., Kramer, J. M. F., **Müller, S**. C., Thomas, P. A. and Rosenfield, M. F. 2025. Chapter 8 - The use of functional traits in assessing productivity in natural ecosystems. - In: Kumar, M. et al. (eds), Plant Functional Traits. Plant Biology, sustainability and climate change. Elsevier, pp. 111–133.

Utilizando uma revisão da literatura, mostramos como atributos funcionais estão associados à produtividade de ecossistemas florestais e campestres globalmente.

Cianciaruso, MV., Coutinho A.G., Leite-Jardim, R.I., Carlucci, M. 2025. Chapter 9 - Trait-based selection of suitable plant for restoring degraded ecosystems. - In: Kumar, M. et al. (eds), Plant Functional Traits. *Plant Biology, sustainability and climate change*. Elsevier, pp. 111–133.

Neste capítulo discutimos a seleção de atributos funcionais com objetivos de recuperar áreas degradadas e para restauração ecológica em larga escala. Apresentamos um modelo desenvolvido por nós de seleção de espécies para uso em projetos de restauração visando recuperar serviços ecossistêmicos.

Desvendando os múltiplos efeitos de espécies exóticas em redes ecológicas

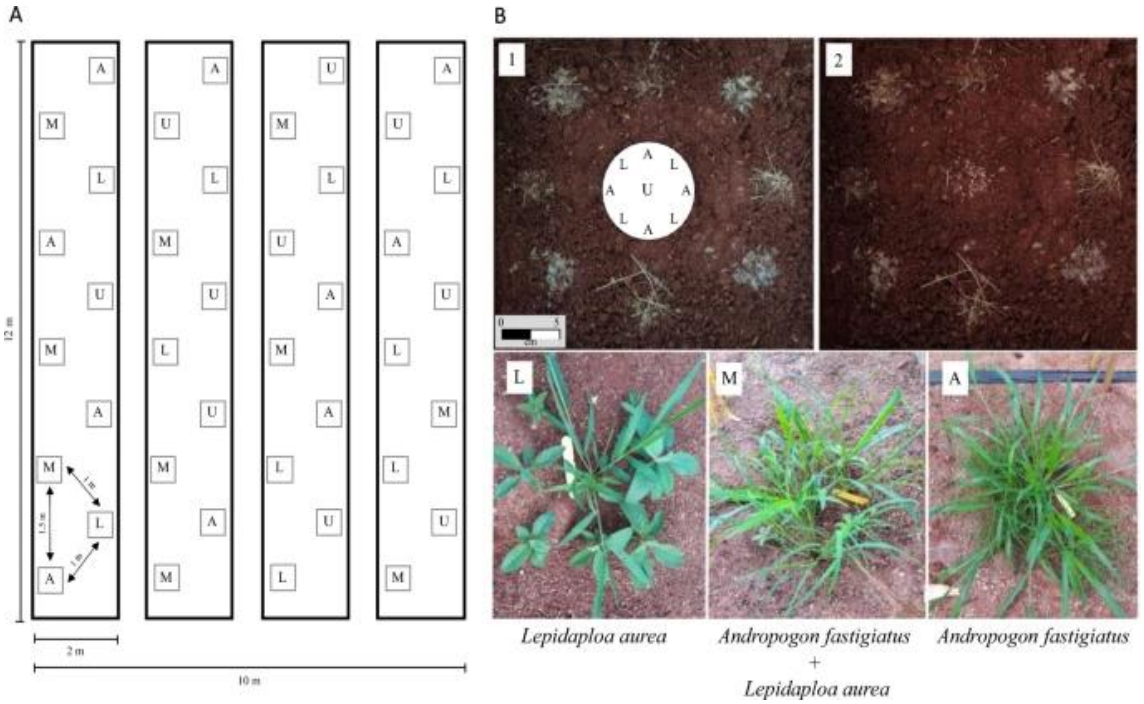
O banco de dados de interações interespecíficas envolvendo espécies nativas e exóticas foi finalizado. A base de dados compreende redes de interações antagonísticas e mutualísticas envolvendo diversos grupos taxonômicos e graus de intimidade (interações não simbióticas, ectosimbióticas e endosimbióticas). Em setembro de 2019 realizamos a primeira reunião presencial do subprojeto, na qual planejamos e desenvolvemos as análises iniciais para dois artigos, um dos quais foi posteriormente dividido, resultando em três artigos em andamento, dois quais dois estão em fase de redação com as análises já finalizadas (1: A framework for detecting species integration in interaction networks: a case study with exotic species; 2: The importance of disconnected species and abundance data for detecting topological patterns in

ecological networks). Estes trabalhos devem ser finalizados e submetidos até outubro de 2021. Buscamos aumentar a integração entre os membros do GT por meio de reuniões presenciais e remotas. As últimas reuniões presenciais do GT ocorreram em setembro de 2019 devido à pandemia da COVID-19, as reuniões presenciais programadas a partir de 2020 foram canceladas e substituídas por reuniões remotas entre os membros do GT.

Em 2023-2024 realizamos um experimento manipulativo visando entender se espécies nativas seriam capazes de controlar o crescimento do capim braquiária (gramínea africana invasora no Cerrado). Esse experimento resultou no seguinte artigo:

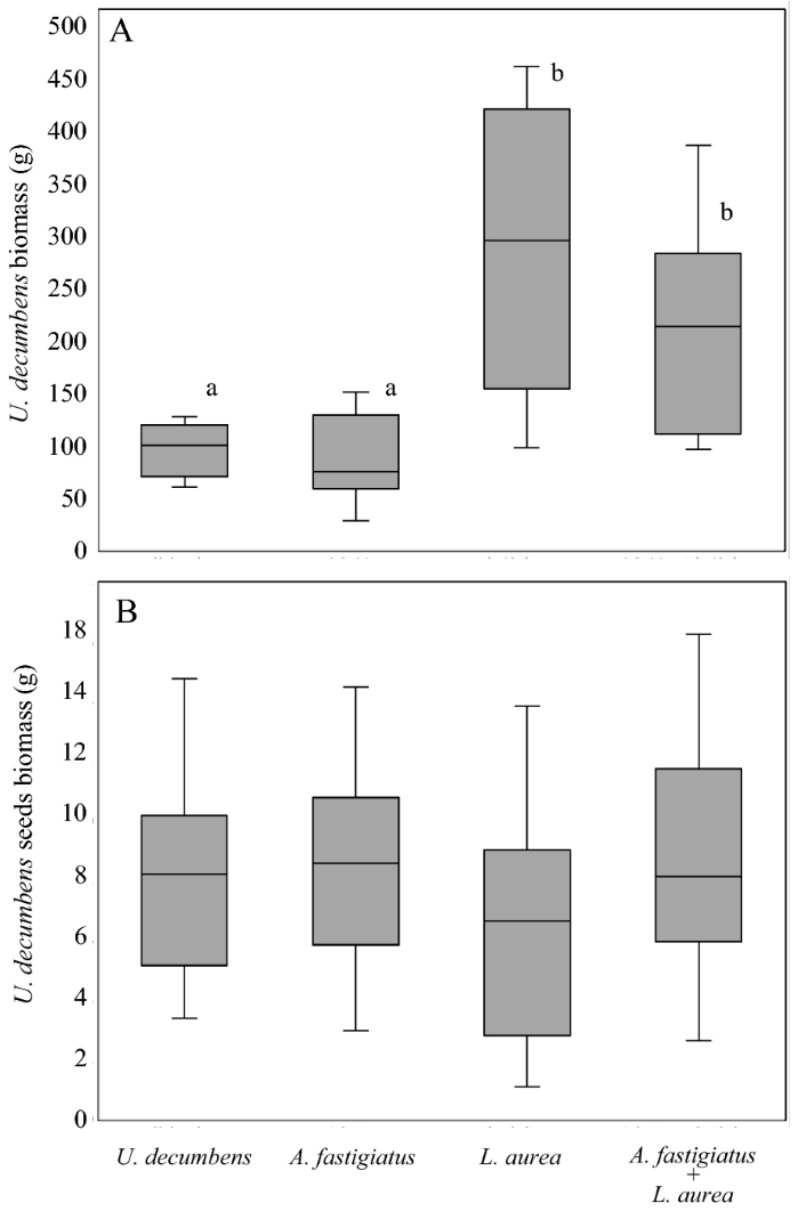
Cianciaruso, MV, Vellosa, L.L.M., Coutinho, AG (2025) Can native species control the above-ground biomass and reproductive output of *Urochloa decumbens*, an invasive grass in the Brazilian savannas?

A invasão de espécies exóticas é um problema global que impacta os ecossistemas naturais. Neste artigo, avaliamos o impacto da gramínea anual *Andropogon fastigiatus* e do arbusto *Lepidaploa aurea*, duas espécies nativas comumente utilizadas em projetos de restauração nas savanas brasileiras, no controle da gramínea invasora *Urochloa decumbens*. Realizamos um experimento de competição vegetal utilizando 40 parcelas, onde um único indivíduo de *U. decumbens* foi cercado por oito indivíduos de *A. fastigiatus*, *L. aurea* ou uma combinação de ambas as espécies, além de um tratamento controle com apenas *U. decumbens*. Após quatro meses, coletamos a biomassa aérea e a biomassa de sementes dos indivíduos focais de *U. decumbens*. As espécies nativas não reduziram a biomassa nem a produção de sementes de *U. decumbens*. No entanto, *A. fastigiatus* apresentou uma capacidade competitiva semelhante à de *U. decumbens*, sendo o único tratamento em que não houve aumento na biomassa da gramínea invasora. Na presença de *L. aurea* e quando a densidade de *A. fastigiatus* foi reduzida pela metade, a biomassa de *U. decumbens* foi aproximadamente três vezes maior do que a observada nas parcelas controle. Isso provavelmente se deve ao uso mais eficiente dos recursos disponíveis no solo. Apesar de essas duas espécies serem amplamente utilizadas em esforços de restauração ecológica no Cerrado, encontramos que apenas *A. fastigiatus* foi capaz de controlar a biomassa de *U. decumbens*, mas nenhuma das espécies conseguiu reduzir a produção reprodutiva da gramínea invasora. No entanto, em alta densidade, *A. fastigiatus* pode ser um forte competidor contra *U. decumbens* e deve ser incluído em misturas de sementes para a restauração do Cerrado.



Desenho experimental: quarenta parcelas de 0,25 m² foram distribuídas uniformemente entre quatro canteiros, com um espaçamento mínimo de 1 m entre as parcelas. Os canteiros foram preenchidos com Latossolo Vermelho-Amarelo, um tipo de solo comum nas savanas brasileiras (Cerrado), e expostos à precipitação natural e à luz solar. Os tratamentos de competição foram atribuídos aleatoriamente às parcelas.

Configuração dos tratamentos: em cada tratamento, um indivíduo focal de *Urochloa decumbens* cresceu junto com oito indivíduos de diferentes espécies vizinhas: *A. fastigiatus* (A), *L. aurea* (L), uma mistura de *A. fastigiatus* e *L. aurea* (M) e *U. decumbens* (U; tratamento controle). Nos tratamentos envolvendo espécies nativas, sementes de *U. decumbens* foram plantadas no centro da parcela e cercadas por oito indivíduos de espécies nativas do Cerrado. No tratamento de mistura (M), indivíduos de *A. fastigiatus* e *L. aurea* foram dispostos alternadamente ao redor do indivíduo focal de *U. decumbens* (ver painéis 1 e 2 para a disposição espacial dos nove pontos). Aproximadamente cinco a dez sementes de cada espécie foram semeadas em cada ponto. Apenas a primeira plântula a germinar foi mantida, e as demais foram removidas para garantir uma planta por espécie em cada ponto. Após quatro meses, o indivíduo focal de *U. decumbens* em todos os tratamentos foi coletado, e sua biomassa seca aérea e peso total de sementes foram medidos. As imagens L, M e A mostram os tratamentos com *L. aurea*, a mistura e *A. fastigiatus*, respectivamente, dois meses após o plantio.



***A** Biomassa aérea dos indivíduos focais de U. decumbens em função dos tratamentos (F = 11,49; DF = 3; P < 0,001). Letras diferentes indicam diferenças significativas (P < 0,05, teste de Tukey).* ***B** Biomassa de sementes dos indivíduos focais de U. decumbens em função dos tratamentos (F = 0,87; DF = 3; P = 0,360).*

3.3. Modelos de Nicho Ecológico & Mudança Climática

Coordenadores dos projetos do GT (*PIs*): Levi Carina Terribile e Matheus de Souza Lima-Ribeiro (UFJ), Mariana Vale (UFRJ), Maria Lucia Lorini (UNIRIO) e Marinez Siqueira (JBRJ).

As ações do GT em Modelos de Nicho Ecológico e Mudança Climática (ENM&CC) do EECBio estão pautadas nas seguintes linhas de atuação: (i) integrar as abordagens de calibração multitemporal em modelos correlativos com experimentação fisiológica em modelos mecanicistas a fim de estimar o nicho das espécies de forma mais completa; (ii) integrar interações bióticos, simulações demográficas, dispersão e uso do solo, em predições de distribuições futuras de modelos de nicho para estimar áreas potenciais a serem ocupadas pelas espécies no futuro de forma mais realística; (iii) analisar evolução de nicho e suas consequências para prever o risco de extinção das espécies em cenários de mudança climática; (iv) atualizar e ampliar o banco de dados climáticos ecoClimate e, v) dar suporte operacional a outros programas de pesquisa do EECBio. As principais atividades de pesquisa descritas a seguir estão relacionadas aos eixos gerais de pesquisa do GT, que envolvem o tema “mudança climática” e sua relação com a biodiversidade e os desenvolvimentos teóricos e metodológicos em modelagem de nicho e mudança climática. Em resumo, os principais resultados dos projetos do GT foram:

Processamento de dados globais sobre mudanças na cobertura e uso do solo

Os dados de uso da terra e cobertura do solo (*land-use and land-cover* - LULC) são importantes preditores da ocorrência de espécies e das ameaças à biodiversidade. Embora existam conjuntos de dados LULC disponíveis nas condições atuais, o formato dos dados nem sempre é diretamente acessível e utilizável para estudos ecológicos, e há uma falta de tais dados nas condições climáticas históricas e futuras. Isso dificulta, por exemplo, a projeção de modelos de nicho e distribuição em cenários de mudanças globais em diferentes cenários de tempo. Diante disso, pesquisadores do GT (Vale et al. 2021) utilizaram o conjunto de dados terrestres global do Projeto de Harmonização do Uso da Terra (LUH2) para gerar dados de uso da terra e cobertura do solo em formato de SIG padrão, tornando-os mais acessíveis e facilmente manipuláveis para análises ecológicas. Assim, fornecemos dados LULC para todos os anos de 850 a 2100 em uma resolução temporal de 1 ano (de 850 a 2100), e espacial de 0.25º, e, a partir de 2015, o conjunto de dados LULC é fornecido em dois cenários climáticos (SSP2-4.5 e SSP5-

8.5). Ao todo, foram gerados mais de 17 mil arquivos, incluindo dados originais da base *Land-Use Harmonization Project* (LUH2) agora transformados em formato tiff, e dados categóricos para 12 categorias de cobertura vegetal (e.x. Figura 3.3.1): floresta primária, cobertura primária não-florestal, cobertura secundária potencialmente florestal, cobertura secundária potencialmente não-florestal, pastagem de manejo, pastagem, área urbana, cultivares anuais C3, cultivares perenes C3, cultivares anuais C4, cultivares perenes C4, e cultivares C3 fixadores de N.

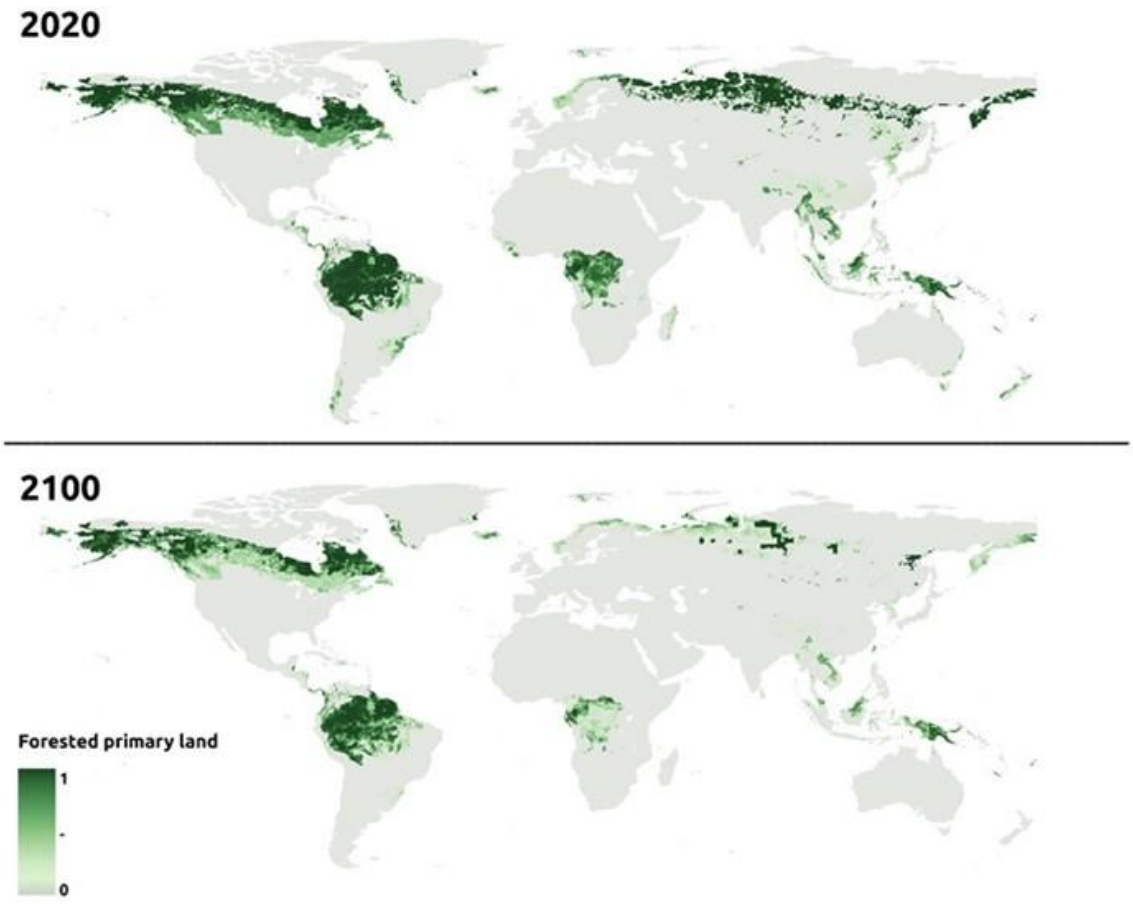


Fig. 3.3.1. Exemplo da estrutura do dado gerado, presentado pela categoria de floresta primária contínua para 2020 (topo) e 2100 (abaixo) sob o cenário de gases de efeito estufa SSP5-8.5, obtido a partir da base Land-Use Harmonization Project (LUH2). Os valores das categorias variam de 0 a 1, representando aproximadamente a probabilidade de um pixel ser ocupado pela classe de uso da terra e cobertura do solo representada no mapa. Todos os outros arquivos categóricos têm a mesma estrutura.

Outro aspecto relevante é que, ao se comparar os novos dados de LULC produzidos a partir da LUH2 com dados de referência para uso do solo *Global Land Cover SHARE* (GLC-SHARE), notou-se uma acurácia geral superior a 70% em escala global e também para a maioria das regiões (Tabela 3.3.1).

Tabela 3.3.1. Medidas de acurácia (em porcentagem) para os dados de LULC em escala global e regiões biogeográficas: acurácia global (AO), acurácia do produtor (PA) e acurácia do consumidor (UA).

		Crops		forest		open areas		urban	
	OA	PA	UA	PA	UA	PA	UA	PA	UA
Global	71.7	79.7	47.3	70.5	66.8	71.2	82.7	55.5	13.2
Afrotropical	70,9	72.2	15.1	72.4	42.2	70.6	93.9	50.0	2.0
Australasian	82.0	80.5	54.9	91.2	47.0	80.0	98.0	83.3	20.0
Indomalayan	77.7	90.0	77.0	83.2	83.0	58.2	71.3	35.7	9.8
Neartic	71.7	83.1	59.4	61.1	84.3	81.2	66.9	80.9	27.9
Neotropical	65.4	89.5	14.8	87.3	66.9	47.7	88.3	39.2	40.7
Afrotropical	71.4	71.3	53.1	67.7	64.7	73.5	81.2	30.3	4.0
Afrotropical	71.4	71.3	53.1	67.7	64.7	73.5	81.2	30.3	4.0

Uma análise comparativa do padrão de LULC ao longo do tempo indicou, por exemplo, uma diminuição da floresta primária e aumento de florestas secundárias e de áreas desflorestadas nas regiões da Amazônia, Floresta Atlântica e Bacia do Congo (Fig. 3.3.2).

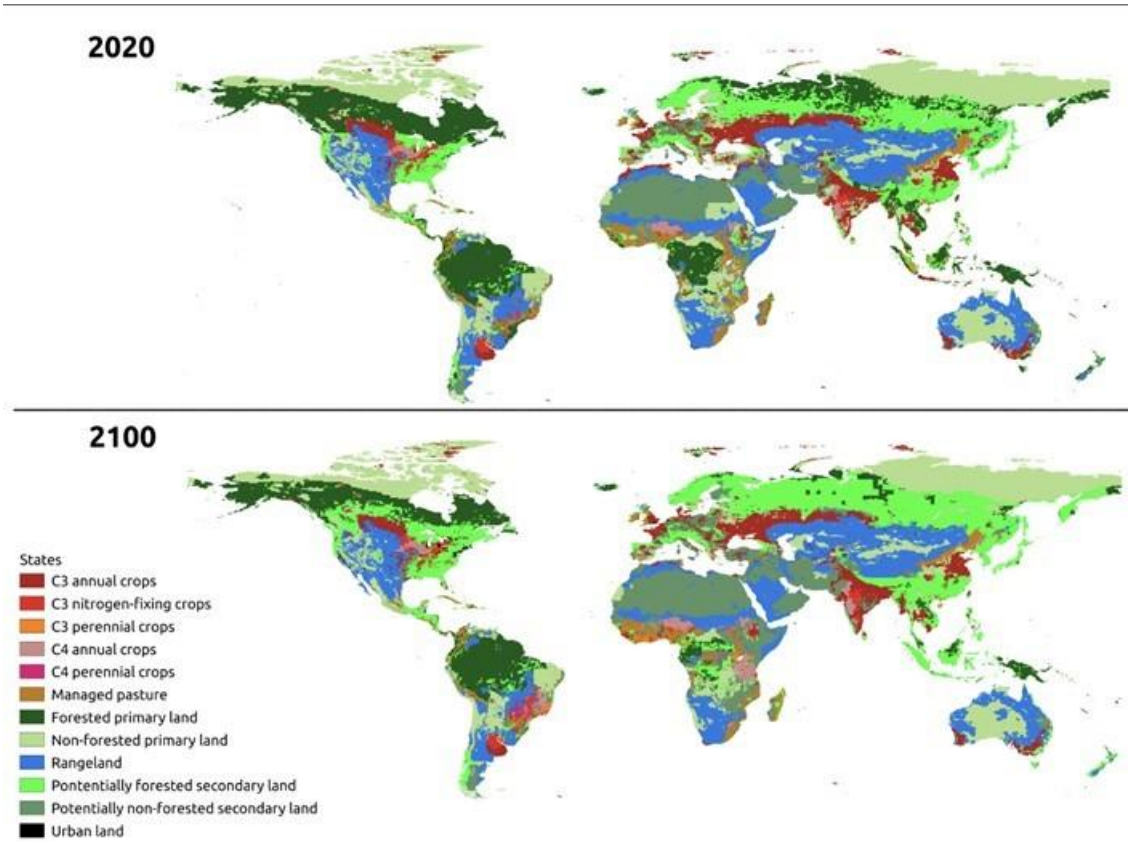


Fig. 3.3.2 Dados categóricos de LULC para 2020 e 2100 sob o cenário de emissão de gases SSP5-8.5, resultante da combinação, em um único mapa, das 12 classes ou categorias de uso do solo do projeto LUH2.

Certamente, essa nova base de dados de LULC compreendendo um período 1251 anos é de grande relevância para a Macroecologia, modelagem de nicho e análises de mudança global, com aplicações em ecologia e conservação. A principal consequência é a facilidade de uso para modelagem de nicho e predições mais realistas dos impactos da mudança climática sobre a biodiversidade (Artigo publicado em: Vale et al. (2021) Global land-use and land-cover data for ecologists: Historical, current, and future scenarios. *Biodiversity Informatics, 16*, 28-38).

Análise comparativa das bases de dados ecoClimate e Worldclim

Durante o Workshop sobre o ecoClimate realizado em março de 2019, foi discutida a necessidade de testar e comparar se o procedimento de *downscaling* (redução a escala) utilizado para gerar os dados climáticos do WorldClim (https://www.worldclim.org) reduz a incerteza (i.e., variância multidimensional dos dados

climáticos) entre as projeções dos modelos de clima em comparação ao procedimento de *downscaling* utilizado no ecoClimate (https://www.ecoclimate.org). Fizemos o procedimento de redução da escala dos modelos de clima de acordo com o procedimento padrão do ecoClimate, para os períodos (Holoceno médio, 2050 e 2070) e diferentes RCPs para o futuro (2.6, 4.5, 6.0, 8.5) que eram comuns aos disponíveis pelo WorldClim e ecoClimate utilizando os mesmos *baselines* do WorldClim. Os resultados indicam que a incerteza nas projeções dos modelos climáticos foi reduzida nos procedimentos utilizados para realização do *downscaling* do ecoClimate e do WorldClim, mas o primeiro preservou muito mais a quantidade de incerteza dos dados originais em todos os conjuntos de variáveis e zonas climáticas para o Holoceno médio (Fig 3.3.3) e para o futuro (Fig. 3.3.4).

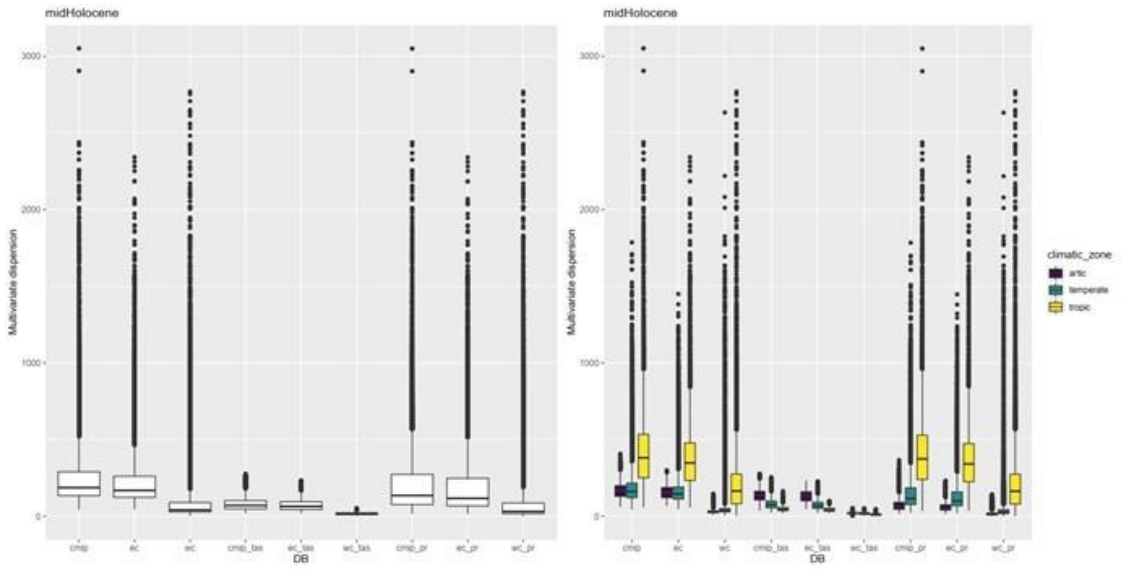


Fig. 3.3.3. Boxplot da incerteza no Holoceno médio entre os modelos de clima em cada conjunto de dados (CMIP, ecoClimate – EC e WorldClim - WC) em três conjuntos de variáveis (todas bioclimáticas, bioclimáticas derivadas da temperatura – tas e bioclimáticas derivadas da precipitação - pr). Na figura da direita os dados foram separados por zonas climáticas.

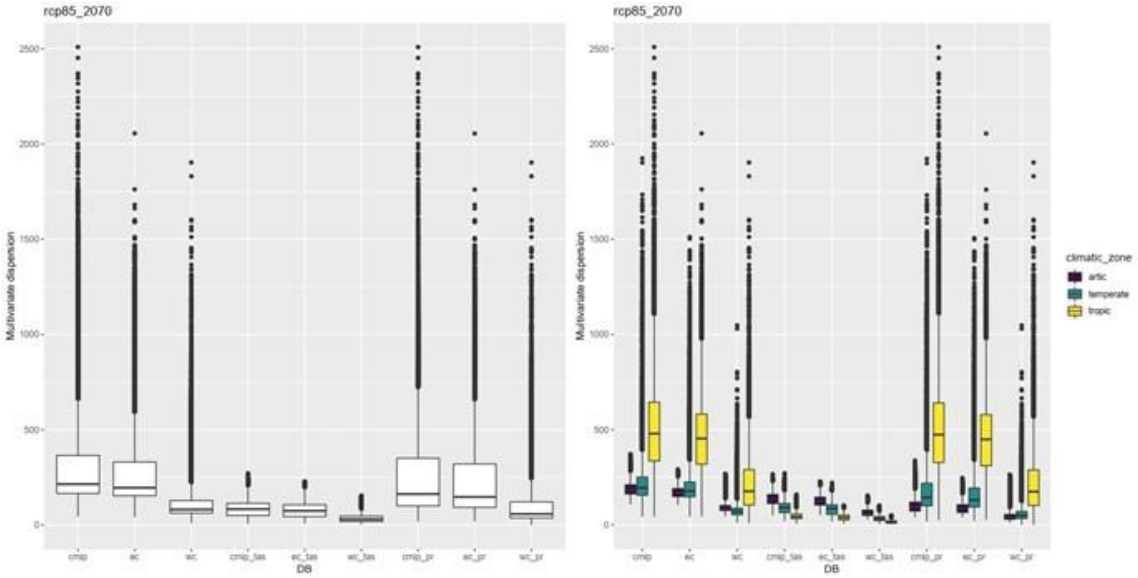


Fig. 3.3.4. Boxplot da incerteza em 2070 para o RCP 8.5 entre os modelos de clima em cada conjunto de dados (CMIP, ecoClimate – EC e WorldClim - WC) em três conjuntos de variáveis (todas bioclimáticas, bioclimáticas derivadas da temperatura – tas e bioclimáticas derivadas da precipitação - pr). Na figura da direita os dados foram separados por zonas climáticas.

Notamos também que o padrão latitudinal da incerteza dos dados originais foi mantido no ecoClimate e para o WorldClim foi reduzido em todas as regiões (veja a aproximação dos pontos e linha de tendência em direção à zero), além do padrão ter sido perdido por completo para as bioclimáticas de temperatura do Holoceno (Fig. 3.3.5) e suavizado para o futuro (Figura 3.3.6).

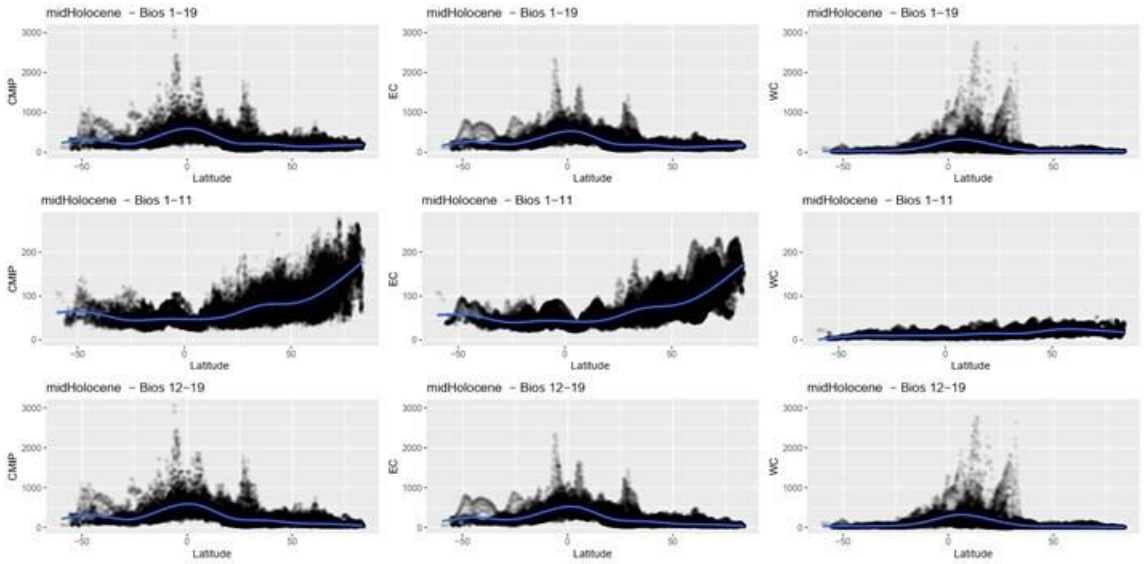


Fig. 3.3.5. "Scatterplot" da incerteza no Holoceno médio entre os modelos de clima ao longo das latitudes separados por conjuntos de dados (CMIP, ecoClimate – EC e WorldClim - WC) e de variáveis (todas bioclimáticas – Bios 1 - 19, bioclimáticas derivadas da temperatura – Bios 1 – 11 e bioclimáticas derivadas da precipitação – Bios 12 - 19).

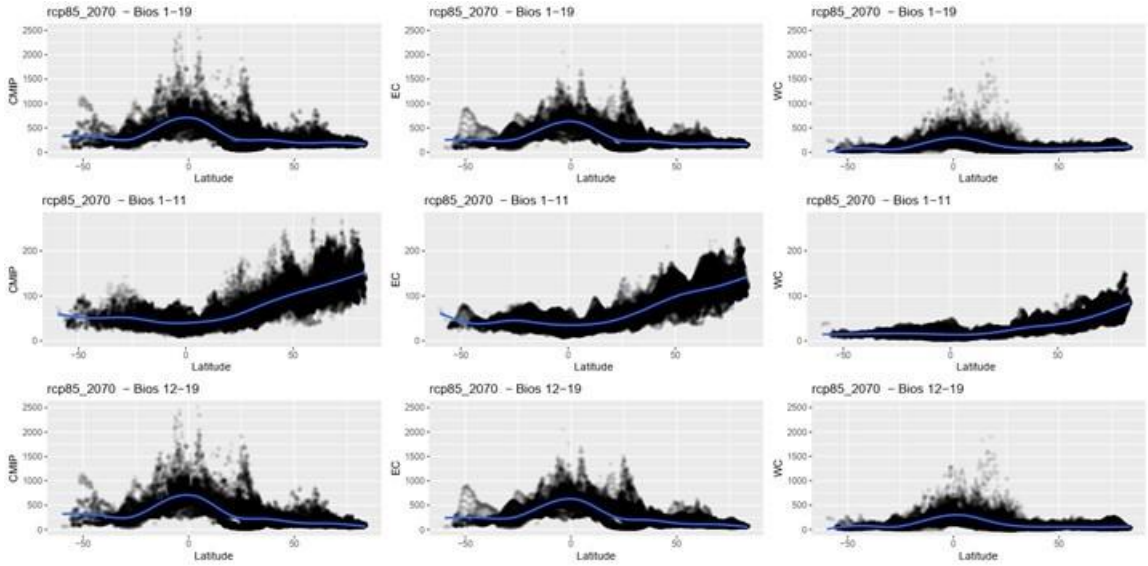


Fig. 3.3.6. "Scatterplot" da incerteza em 2070 no RCP 8.5 entre os modelos de clima ao longo das latitudes separados por conjuntos de dados (CMIP, ecoClimate – EC e WorldClim - WC) e de variáveis (todas bioclimáticas – Bios 1 - 19, bioclimáticas derivadas da temperatura – Bios 1 – 11 e bioclimáticas derivadas da precipitação – Bios 12 - 19).

Esses resultados indicam que, em estudos que visam explorar o impacto da mudança climática sobre a biodiversidade a partir dos distintos cenários disponíveis, preservar a variância entre as predições é desejável, especialmente em estudos de planejamento para conservação. Assim, o uso do ecoClimate é recomendável em estudos que utilizam modelos climáticos para realizar projeções temporais (Artigo em preparação: Faleiro et al. Comparative analysis of *ecoClimate and Worldclim* climate databases).

Desenvolvimento de abordagens que integrem modelos mecanísticos e correlativos para modelagem de nicho

Os modelos mecanísticos, embora possam ser mais precisos para estimar o nicho das espécies, dependem de uma quantidade maior de informações (frequentemente não disponíveis para um grande conjunto de espécies), quando comparados aos modelos correlativos. Por outro lado, modelos correlativos são considerados menos precisos em suas predições. O estudo de Tourinho et al. (2021, *Ecological Modelling* 457, 109687) (e outros trabalhos em revisão), desenvolveu um modelo híbrido para mamíferos usando horas de atividade e horas de estresse por calor como variáveis mecanísticas, ajustadas usando dados macroclimáticos e aplicadas a modelagem correlativa convencional. Os resultados deste modelo híbrido foram comparados com modelos correlativos convencionais para 58 mamíferos tropicais em termos de precisão, incerteza e distribuição geográfica prevista sob as mudanças climáticas. A comparação revelou que não há diferença na acurácia preditiva de modelos híbridos e modelos correlativos; porém, os modelos híbridos exibiram maior incerteza, tanto para predições para o presente quanto para o futuro (Fig. 3.3.7), embora a magnitude dessa incerteza seja baixa.

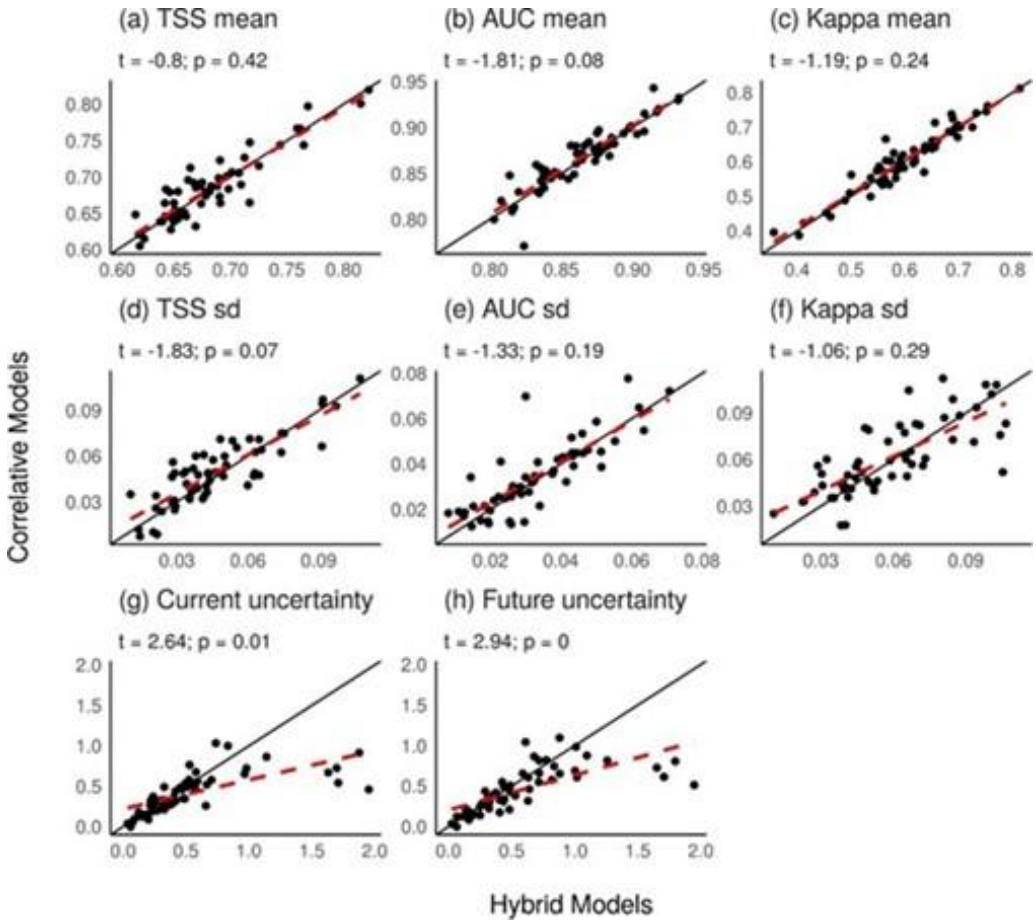


Fig. 3.3.7. Análise comparativa da performance dos modelos híbridos e correlativos, por meio das métricas de TSS, AUC e Kappa, e incerteza em predições para o presente e futuro.

Outro resultado relevante é que não houve diferença na magnitude de área perdida, adquirida ou estável, e no tamanho das extensões de ocorrência entre o presente e o futuro, preditas pelos modelos híbridos e correlativos (Fig. 3.3.8).

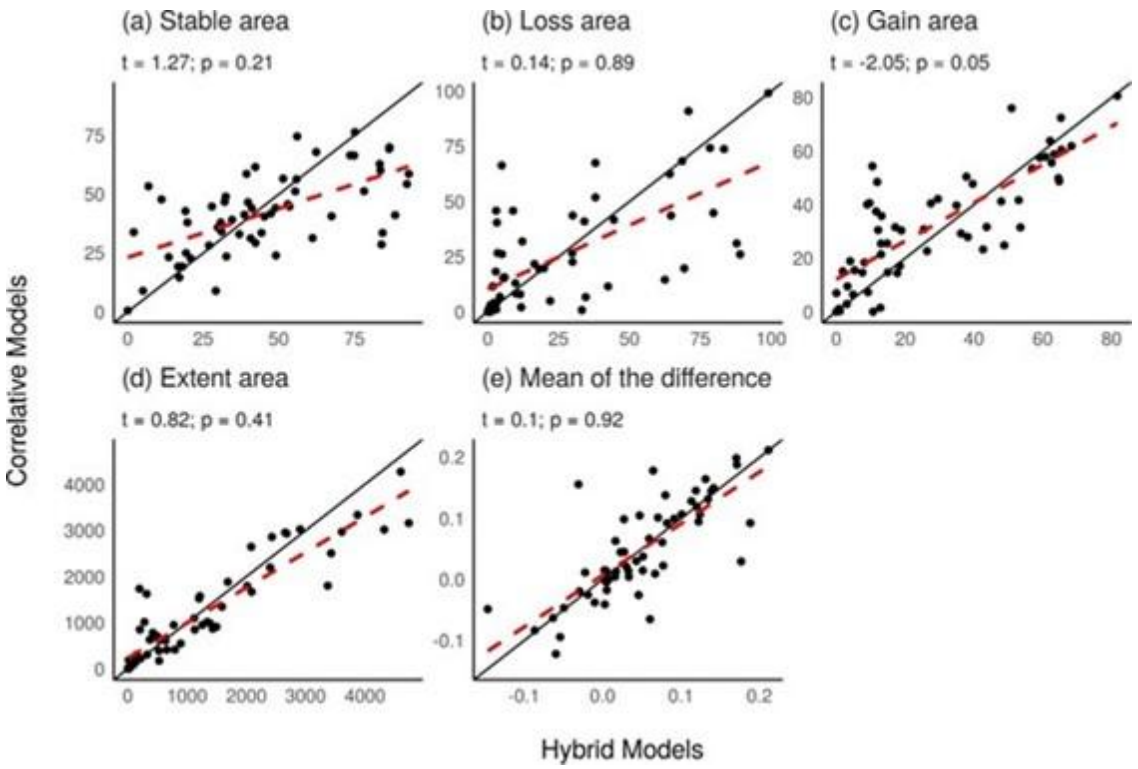


Fig. 3.3.8. Diferença entre modelos híbridos e correlativos de acordo com suas predições, quando a área que se manteve estável, perdida ou adquirida, e extensão de ocorrência.

Esses resultados são importantes porque refutam a premissa de que os modelos híbridos são mais precisos; sugerem também que a escolha da abordagem de modelagem preditiva pode variar de acordo com o interesse e objetivo do estudo. Ainda assim, os modelos híbridos podem ser recomendáveis (em detrimento de modelos ou mecanísticos ou correlativos separadamente) por proporcionar uma visão mais completa da resposta das espécies à mudança climática, uma vez que tanto aspectos proximais (ou causais) e distais (ambientais) são combinados nesta abordagem, e serão expandidos na próxima fase do EECBio (ver item 4.6). Além da produção e disponibilização de um híbrido para mamíferos, o estudo de Tourinho & Vale (2023, Integrative Zoology 18, 93-109) discutiu a base teórico-conceitual e aplicabilidade de modelos mecanísticos, correlativos e híbridos.

Áreas se estabilidade climática e resposta dos mamíferos à mudança climática

Entender a dinâmica da distribuição das espécies diante da mudança climática é essencial para avaliar o risco de extinção e a proposição de estratégias conservacionistas. Ao analisarmos a dinâmica da distribuição geográfica dos mamíferos atuais em função do clima, desde o Último Máximo Glacial (LGM) até o presente,

observamos que a mudança climática reduziu severamente a distribuição atual e a adequabilidade climática de espécies ameaçadas de extinção quando comparadas às espécies não ameaçadas (Fig. 3.3.9) (estudo publicado em Borges et al. 2019).

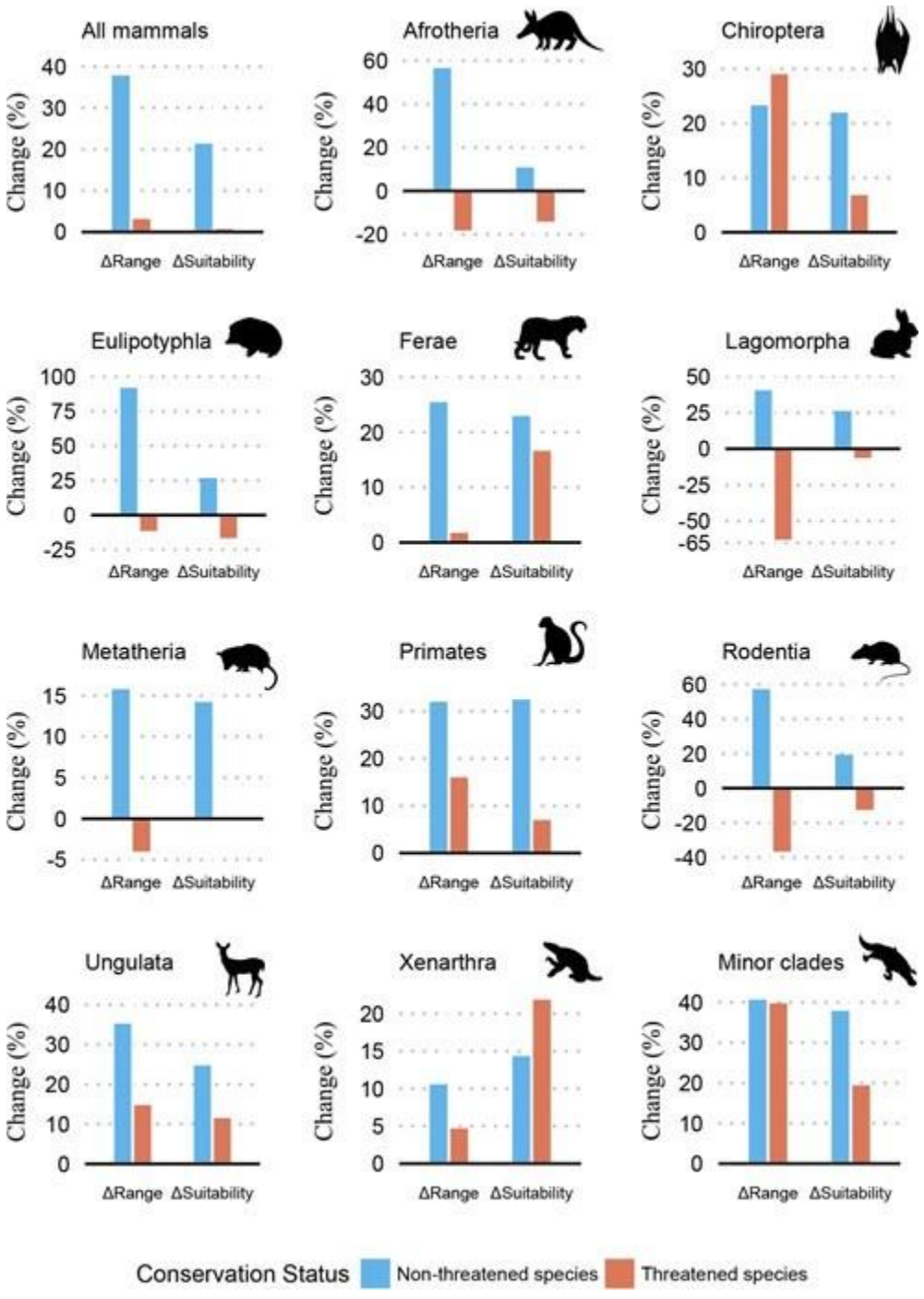


Figura 3.3.9. Porcentagem de mudança no tamanho da distribuição (ΔRange) e adequabilidade climática (ΔSuitability) entre o último máximo glacial e o período atual para espécies ameaçadas e não ameaçadas.

A partir das diferenças na adequabilidade climática e distribuição geográfica entre o passado e o presente, identificamos as áreas de estabilidade biótica (locais em que a adequabilidade se manteve estável) – Componente A, e as áreas de ganho biótico ou os locais que passaram a ser adequados à distribuição do passado em relação ao presente, e locais de perda biótica ou que deixaram de ser adequados – Componente B. Notamos que áreas estáveis persistiram especialmente nos trópicos; aumentos de hábitats adequados foram observados ao longo do Paleártico e Neártico, e perdas de hábitats ocorreram em regiões tropicais como bacia Amazônica, oeste da África equatorial e Sudeste Asiático (Fig. 3.3.10).

Em outro estudo do GT, de Oliveira et al. (2021) avaliaram os impactos potenciais da mudança climática na distribuição da espécie rara de mamífero *Chironectes minimus*, o único marsupial semiaquático do mundo. Os resultados indicaram uma perda de área de distribuição em torno de 22% no futuro, além da redução da adequabilidade climática em sua área de ocorrência (Fig. 3.3.11 e Fig. 3.3.12). O estudo também revelou que as áreas estáveis poderão ser reduzidas pela ausência de áreas de floresta no futuro, o que poderá promover perda e fragmentação das populações (Fig. 3.3.12).

Esses estudos reforçam a necessidade de estratégias conservacionistas que levem em consideração a dinâmica das distribuições das espécies ao longo do tempo, como a identificação de áreas de estabilidade climática. As áreas que se mantiveram estáveis climaticamente durante o último período glacial, que se mantem adequadas atualmente e que permanecerão adequadas no futuro poderão representar refúgios da biodiversidade, sendo importantes, portanto, em estudos de planejamento sistemático para conservação. Com o intuito de identificar essas áreas, mapeamos a áreas de adequabilidade no passado (LGM), presente e futuro (cenário climático RCP45) para quase 3 mil espécies de mamíferos em escala global (Fig. 3.3.13), e identificamos áreas de refúgio, principalmente nas regiões tropicais, no oeste da Amazônia, em boa parte da Mata Atlântica, e em regiões a leste da África subsaariana. Em conjunto, esses resultados fornecem oportunidades para a discussão de estratégias de conservação da biodiversidade levando em consideração a dinâmica das distribuições geográficas em resposta a mudança climática ao longo do tempo.

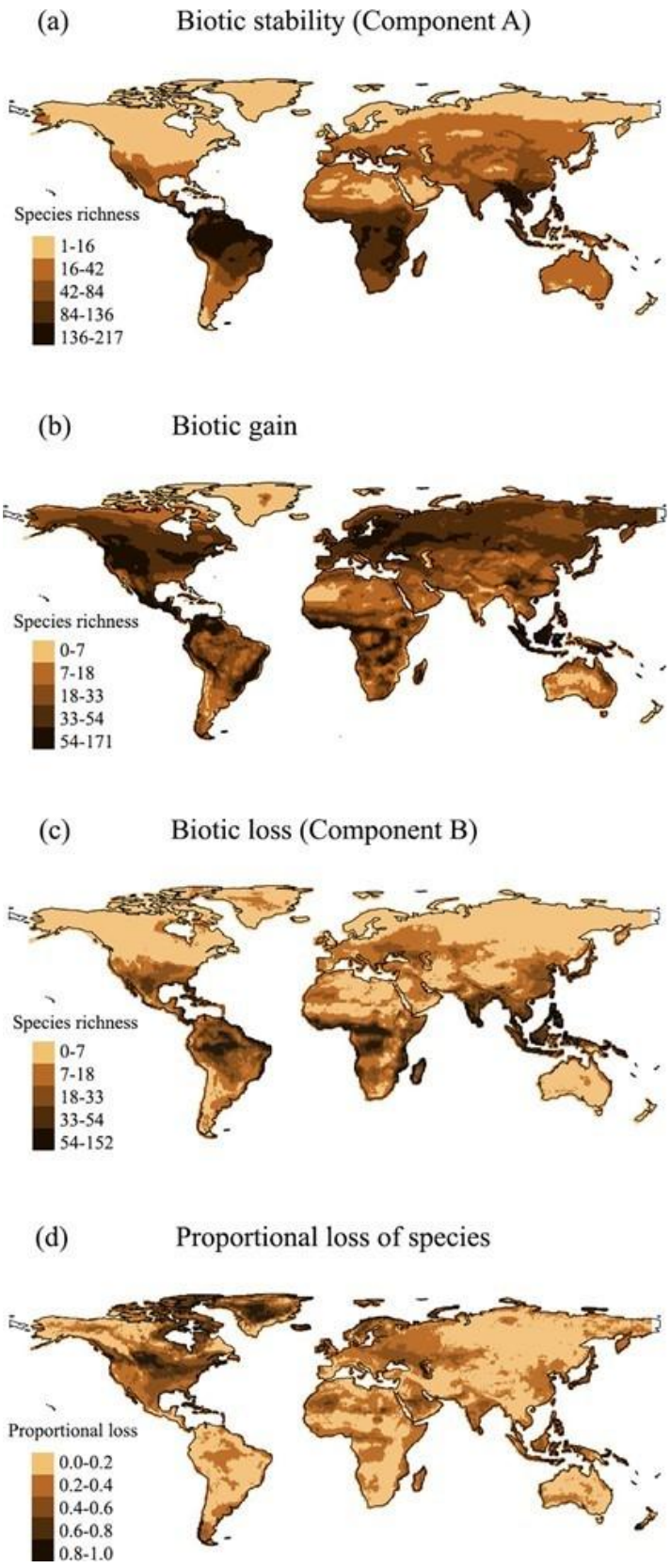


Fig. 3.3.10. Variação na adequabilidade climática entre o Pleistoceno e o presente; a) Estabilidade biótica (Componente A), a) áreas de ganho biótico, c) áreas de perda biótica (Comp. B), e d) perda proporcional de espécies de mamíferos ao longo do tempo.

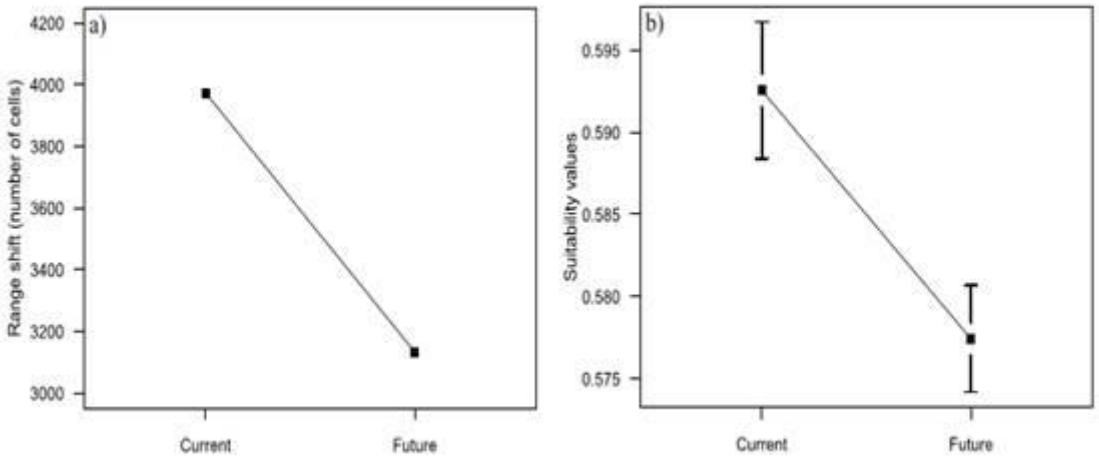


Fig. 3.3.11. Magnitude de mudança no tamanho da área de ocorrência (a) na adequabilidade climática para Chironectes minimis *ao longo do tempo.*



Fig. 3.3.12. Área de refúgio total predita para Chironectes minimus *(a), e área de refúgio considerando a presença de áreas de Floresta (a).*

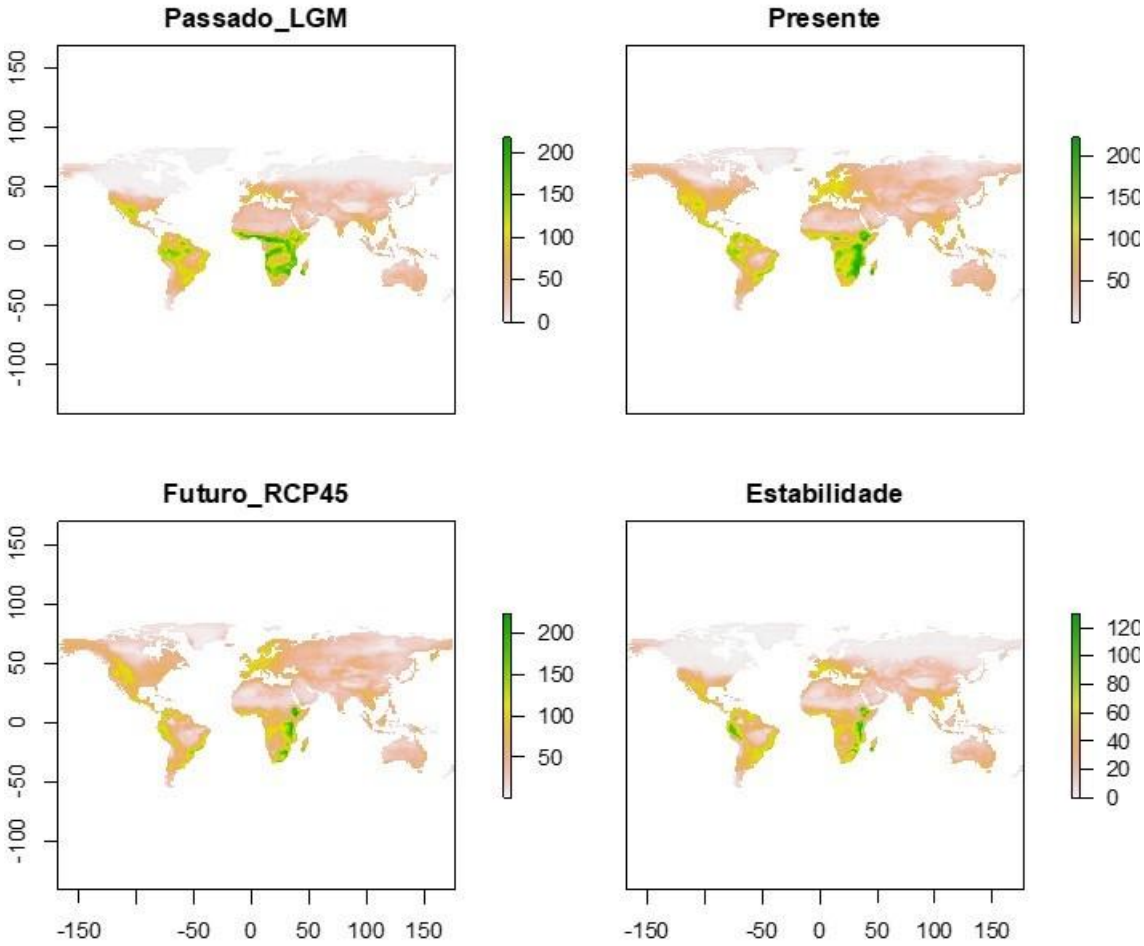


Fig. 3.3.13. Padrões de riqueza de mamíferos terrestres no LGM, no presente e futuro – cenário RCP45, a áreas de estabilidade climática considerando os três períodos.

MODEL R: Novas implementações no arcabouço de modelagem de nicho ecológico modelR

O plano de trabalho deste GT previa novas implementações na plataforma de modelagem "modelR". O principal avanço desde projeto foi o desenvolvimento de pacote complementar, denominado "plantR", que resultou do desmembramento do módulo de aquisição e limpeza dos dados de ocorrência do modelR, com um script mais avançado quanto as suas funcionalidades. As novas funcionalidades do plantR são: (1) recuperar registros de ocorrência de diferentes repositórios de dados (e.g. GBIF); (2) padronizar campos típicos associados a registros de espécies; (3) validação de localidades, coordenadas geográficas, nomenclatura taxonômica e identificação de espécies; (4) sumarização e exportação dos registros, incluindo a elaboração de checklists de espécies com material testemunho (disponível em https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2021.04.06.437754v2).

O impacto das mudanças climáticas nos serviços ecossistêmicos providos pela biodiversidade brasileira

Os impactos das mudanças globais podem afetar a biodiversidade e os seus serviços ecossistêmicos (SE), essenciais para o bem-estar humano. Em particular, espera-se que as alterações climáticas diminuam, expandam e/ou desloquem as áreas de distribuição das espécies. Isso pode alterar a distribuição espacial dos SE por elas prestados. Para compreender a vulnerabilidade dos SE às mudanças climáticas, Tourinho et al. (in prep) avaliaram 11 SE fornecidos pelos mamíferos terrestres brasileiros (Fig. 3.3.14) e estimaram sua distribuição espacial nas condições atuais e futuras. Essa estimativa foi feita para todo o território brasileiro e para cada bioma. Mapeamos os SE com base na soma das distribuições espaciais dos mamíferos que provêm cada um dos SE, utilizando modelagem de nicho ecológico para 421 espécies que prestam SE. No geral, os resultados mostraram que as distribuições de 103 espécies podem contrair em mais de 50%, incluindo 11 espécies que podem perder 100% da sua distribuição. De acordo com os resultados da diversidade delta, espera-se que todos os SE em conjunto se expandam ligeiramente (~4%) e para cada SE, em geral, prevê-se que a maioria irá expandir, todos com menos de ~25%, exceto a polinização que estava prevista para contrair 1%. Em geral, para a diversidade delta entre os biomas (Fig. 3.3.15), a distribuição de todos os SE juntos apresentou maior expansão do que contração, exceto para o Pampa e o Pantanal, embora o Pampa tenha

tido a maior proporção de estabilidade. A Amazônia apresentou a maior expansão no futuro (cerca de 55%). Embora a distribuição dos SE tenha aumentado, houve uma mudança substancial na composição das espécies. A diversidade beta (total, aninhamento e substituição) para todos os SE, em conjunto e individualmente, mostrou maior diferença de SE entre o futuro e o atual (ou seja, variação na composição) na Caatinga, no Cerrado e nos limites orientais da Amazônia. Essas regiões se sobrepõem a áreas brasileiras com baixa riqueza de espécies. Em outras palavras, as regiões não possuem espécies no momento, mas têm potencial para ter espécies provedoras de serviço no futuro.

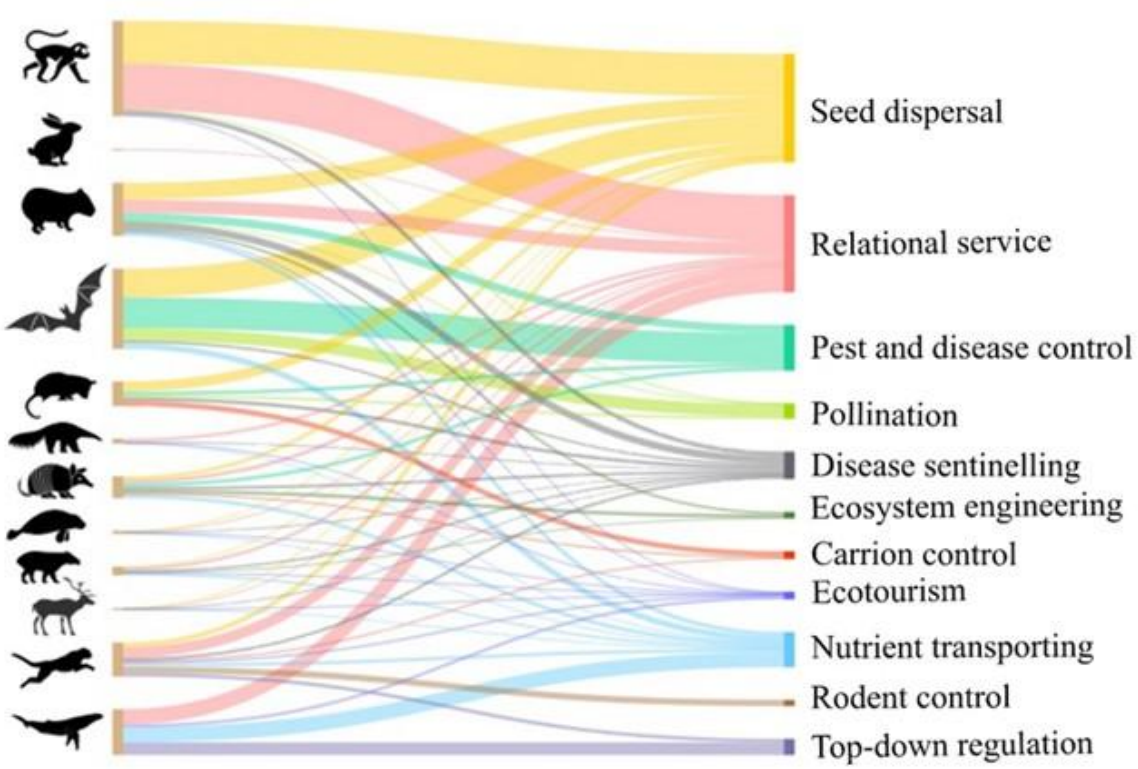


Fig. 3.3.14. Número de espécies em cada ordem ou subordem que prestam cada um dos 11 serviços ecossistêmicos avaliados. As linhas conectam as ordens ou subordens aos serviços que elas proveem, com a espessura da linha indicando o número de espécies que entregam o serviço. De cima para baixo, as ordens ou subordem indicadas por suas silhuetas são Primatas, Lagomorpha, Rodentia, Chiroptera, Didelmorpha, Pilosa, Cingulata, Sirenia, Perissodactyla, Artiodactyla, Carnivora e Cetacea.

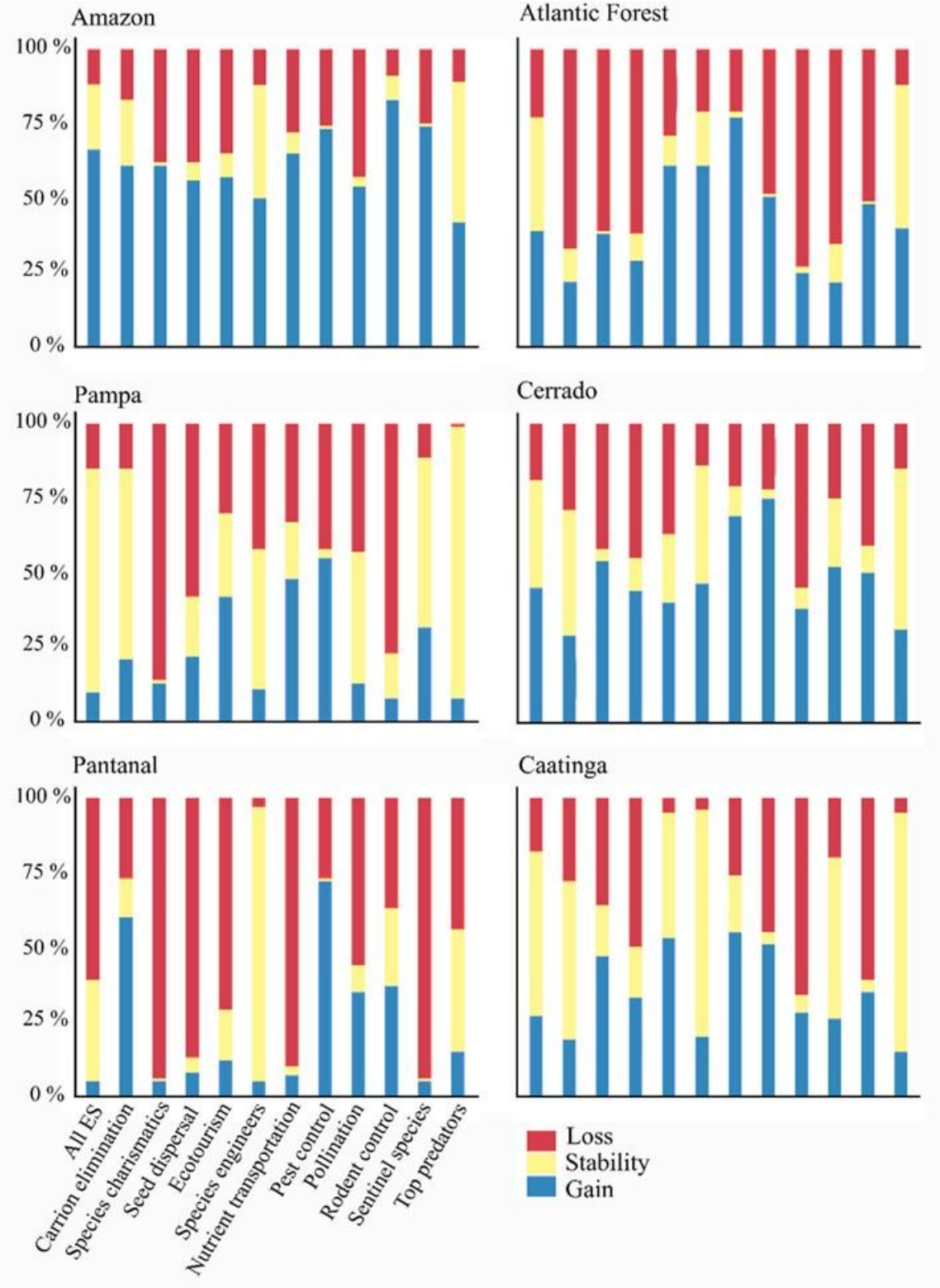


Fig. 3.3.15. Diversidade delta para todos os serviços ecossistêmicos (SE) e para cada 11 SE representados por áreas de perda, estabilidade e ganho, para cada domínio fitogeográfico brasileiro, comparando o futuro com o atual.

Impactos das mudanças climáticas sobre redes e meta-redes de dispersão de sementes em palmeiras neotropicais

As mudanças climáticas antropogênicas podem gerar impactos profundos a sistemas naturais e humanos, sendo que seus efeitos possivelmente irão se agravar no futuro, podendo afetar a sobrevivência de muitas espécies, funções e serviços ecossistêmicos, bem como a segurança alimentar e o desenvolvimento econômico. Muitos estudos associam as mudanças climáticas a alterações já observadas na distribuição de espécies, assim como a mudanças nas distribuições projetadas para o futuro. Essas alterações na distribuição das espécies podem modificar as interações entre as espécies e, por consequência, alterar funções e serviços dos ecossistemas. Contudo, entender o que acontecerá com as redes de interações bióticas em cenários futuros de mudanças climáticas ainda permanece uma lacuna no nosso conhecimento.

Entre as redes de interações de grande importância nos trópicos destacam-se as redes de dispersão de sementes de palmeiras Neotropicais, grupo que na literatura é apontado como excelente sistema modelo para entender a ecologia e evolução das florestas tropicais e sua biota. Para avaliar os efeitos das mudanças climáticas em redes de interações tróficas de palmeiras com seus dispersores na região Neotropical, Teixeira et al (in prep.) iniciaram um estudo que combina duas abordagens metodológicas distintas, a modelagem de nicho ecológico/distribuição de espécies e a teoria de redes. Utilizando dados de interações entre palmeiras e frugívoros neotropicais e modelos de distribuição gerados para 106 espécies de palmeiras e 273 de frugívoros para o presente e para 2080, construímos redes de interações bipartidas de palmeiras-frugívoros nestes dois recortes temporais para a região Neotropical, que foi subdividida em unidades hexagonais de 50km. Para cada unidade espacial calculamos a conectância, número de espécies de palmeiras e de frugívoros presentes em cada rede, aninhamento e robustez das redes. Esses valores foram projetados no mapa de forma que a cor de cada hexágono corresponde ao valor de determinada métrica. Nossos resultados preliminares mostram que as áreas ambientalmente adequadas para as espécies que formam essas redes no presente irão se expandir, principalmente em direção ao Pacífico (Fig. 3.3.16a, b), porém isso deve ser visto com cautela, já que os Andes podem se mostrar uma barreira intransponível para certas espécies. No que se refere ao número de palmeiras, observamos um aumento geral do número de espécies, principalmente no centro do continente sul-americano (Fig. 3.3.16c,d). Este padrão não é espelhado pelos frugívoros (Fig. 3.3.16e, d) o que leva a uma diminuição geral do tamanho das redes e da conectância das redes (Fig. 3.3.16 a, b). Os valores de aninhamento não mudam muito de intensidade, com exceção de áreas na América

Central, que apresenta um aumento do aninhamento no futuro (Fig. 3.3.16g, h). As mudanças na composição das redes levam a um arranjo mais robusto, com redes no futuro apresentando valores mais altos de robustez (Fig. 3.3.16i, j). Estes resultados obtidos até o momento sugerem que as mudanças climáticas irão afetar as palmeiras e os frugívoros de formas diferentes, mas que as redes de interação parecem ser estáveis mantendo suas principais propriedades a despeito da mudança na identidade das espécies que as constituem.

Adicionalmente, ao se avaliar o impacto das mudanças climáticas sobre a palmeira Juçara *Euterpes edulis*, bem como o impacto sobre 15 espécies de aves dispersoras e 19 espécies de mamíferos predadores da palmeira, Portela et al. (2023) observaram que, quando se considera apenas o clima, as mudanças climáticas têm impacto positivo sobre a distribuição da palmeira (expansão de sua distribuição em aproximadamente 26%). Porém, quando são removidas as áreas desmatadas, há uma perda de 66% da área de distribuição da palmeira (Fig. 3.3.17). Nesse modelo mais realista removendo-se as áreas desmatas, há uma redução na riqueza dos seus dispersores e predadores (Fig. 3.3.18). Assim, os possíveis benefícios das alterações climáticas para a distribuição de *E. edulis* são ofuscados pela perda generalizada de habitat, e as alterações globais são susceptíveis de perturbar algumas das suas interações ecológicas.

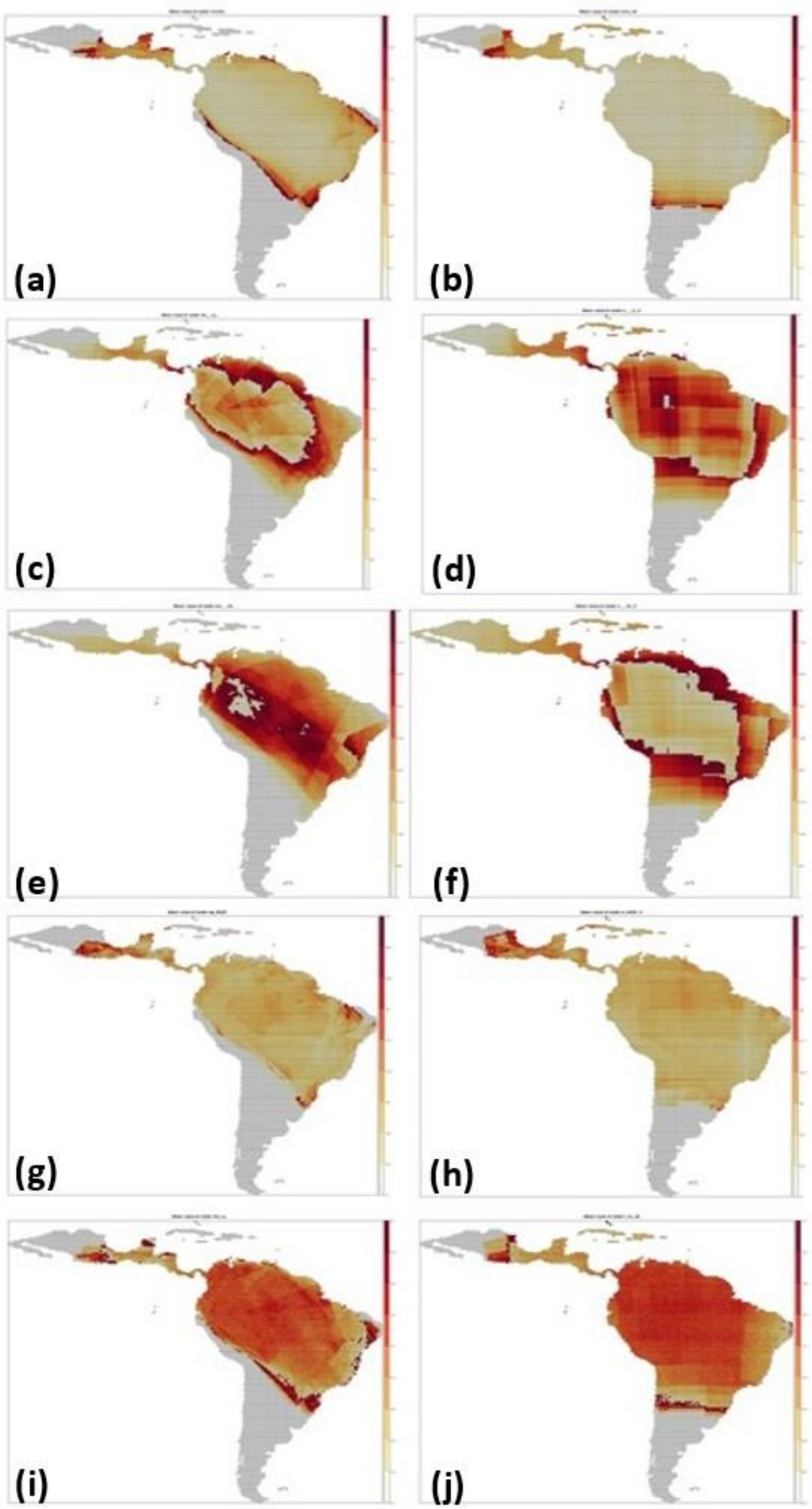


Fig. 3.3.16. Redes tróficas de palmeiras e seus frugívoros dispersores de sementes. Conectância das redes no presente (a) e em 2080 (b). Número de espécies de palmeiras nas redes no presente (c) e em 2080 (d). Número de espécies de frugívoros nas redes no presente (e) e em 2080 (f). Aninhamento das redes no presente (g) e em 2080 (h). Robustez das redes no presente (i) e em 2080 (j).

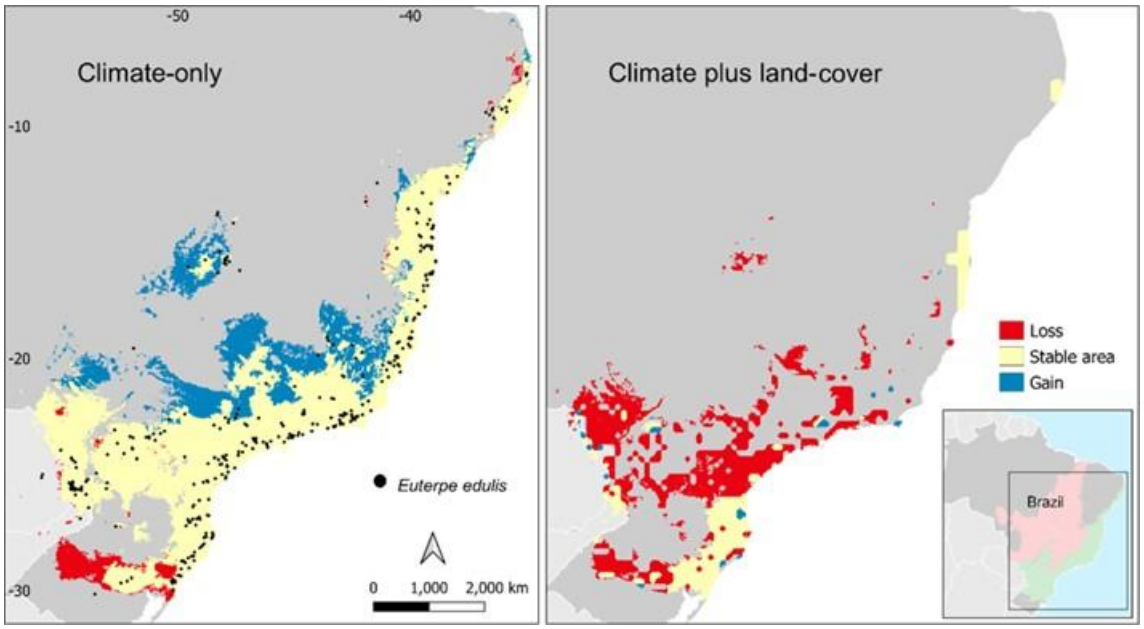


Fig. 3.3.17. Predição de perda (vermelho), ganho (azul) e áreas estáveis (amarelo) da distribuição de Euterpe edulis sob futuras alterações climáticas. Distribuição prevista apenas sob o clima (esquerda) e modelos climáticos mais mudanças na cobertura do solo (direita). A extensão da Mata Atlântica (verde) e Cerrado (rosa) é mostrado na inserção.

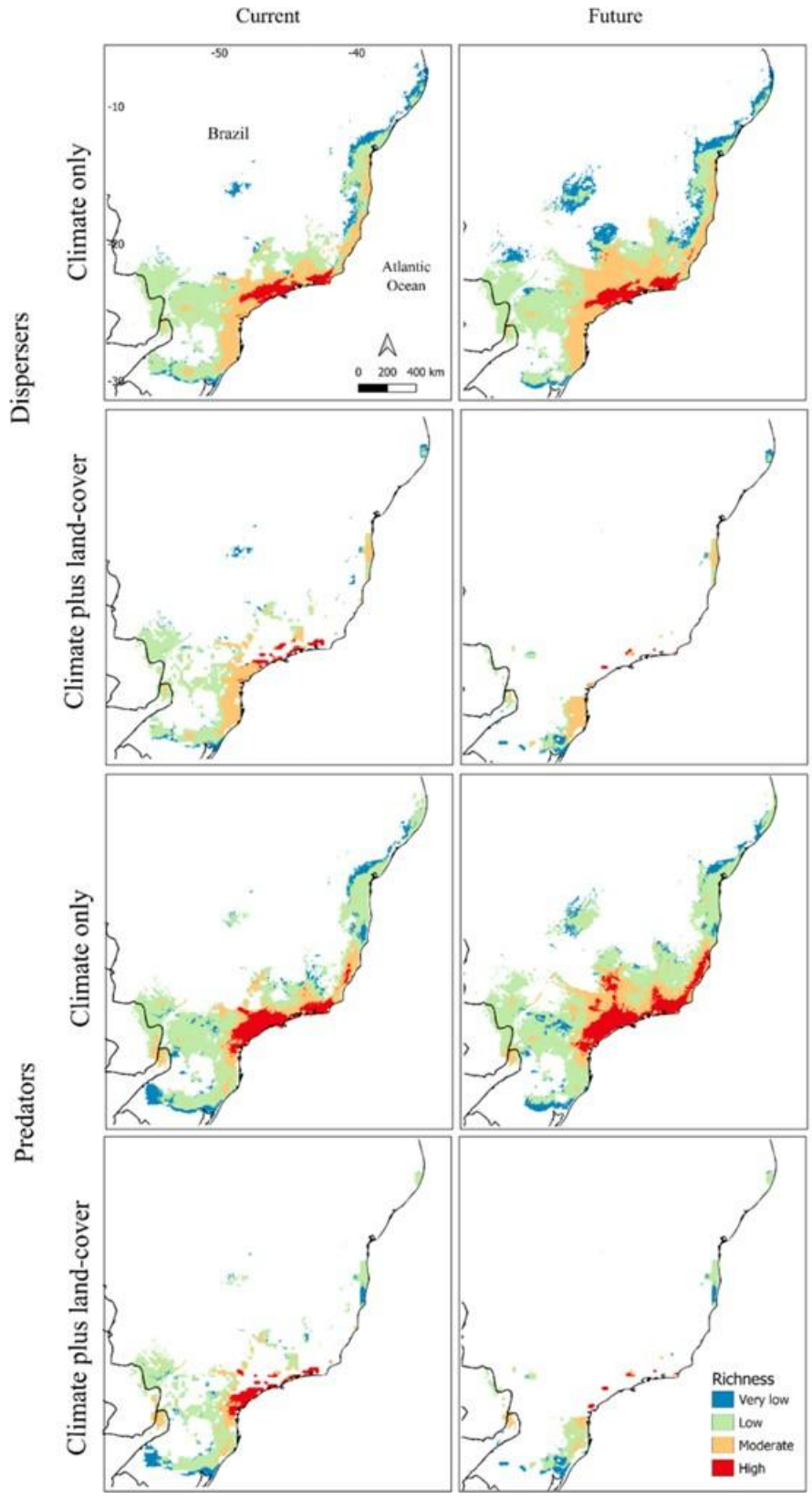


Fig. 3.3.18. Riqueza de dispersores e predadores dentro da distribuição de Euterpe edulis, considerando apenas clima e clima mais cobertura da terra, sob condições atuais e futuras, considerando quatro categorias (muito baixo, baixo, moderado e alto).

Avanços metodológicos em modelos de nicho ecológico: abordagem alternativa ao uso de pseudo-ausências para a avaliação dos modelos

Os modelos de nicho ecológico possuem ampla aplicação em variados campos da biologia, tais como predições de distribuições potenciais no espaço e no tempo, passado, presente e futuro, identificação de propriedades do nicho, estudos de espécies invasoras, previsão de doenças, identificação de locais com bom potencial para criação de unidades de conservação e estudos referentes aos efeitos das mudanças climáticas e em todos os casos nos quais os modelos precisam ser avaliados. A avaliação das predições dos modelos é feita, normalmente, computando acertos e erros dos modelos em relação às presenças e ausências das espécies modeladas por meio da matriz de confusão (MC). Porém, devido à escassez de dados de ausências reais, pontos aleatórios ou estruturados no espaço geográfico (pseudo-ausências) são utilizados para calibrar e avaliar o resultado dos modelos. Entretanto, a utilização de pseudo-ausências é amplamente criticada e apontada com grande fonte de incerteza na construção e avaliação dos modelos. Para avaliar o efeito das pseudo-ausências nas métricas avaliativas baseadas na MC, Oliveira et al. (in prep.) modelaram espécies virtuais e testaram se o uso de pseudo-ausências afeta negativamente as métricas que requerem ausências na calibração e avaliação dos modelos. Os resultados demonstraram que as pseudo-ausências reduzem a capacidade avaliativa das métricas baseadas em presenças e ausências, com o dado de ausência sendo o componente que gera maior incerteza. Além disso, as métricas baseadas apenas em presenças também apresentam perdas da sua capacidade avaliativa ao serem utilizadas para avaliar modelos calibrados e avaliados com pseudo-ausências, e para essas métricas, o componente mais relevante foi a prevalência das espécies (Fig. 3.3.19). Esses resultados indicam cautela na interpretação dos resultados das avaliações dos modelos de nicho, principalmente quando são utilizadas pseudo-ausências. Como alternativa, a métrica de *Pearson's D* é sugerida para avaliar os modelos baseados apenas em presença, pois ela não depende da matriz de confusão, e teve desempenho superior às demais métricas (Fig. 3.3.20).

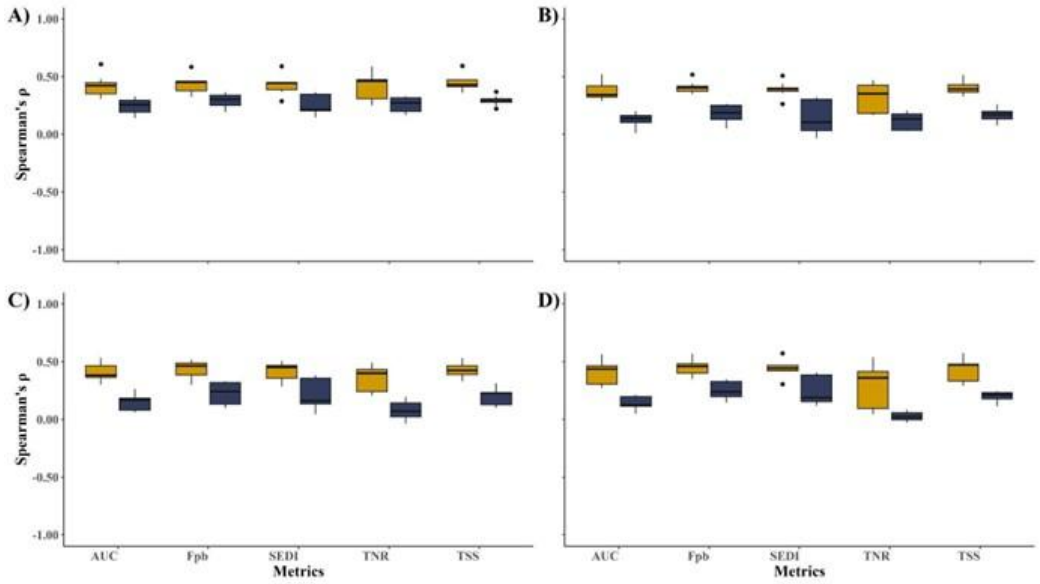


Fig. 3.3.19. Valores das correlações de Spearman (eixo Y) das métricas de avaliação dos modelos (eixo X) com a métrica que mede a capacidade preditiva real dos modelos (Índice I) para modelos gerados com o conjunto de dados de 50 pontos de ocorrência. As letras A (superior esquerdo), B (superior direito), C (inferior esquerdo) e D (inferior direito) são valores obtidos de espécies com prevalência de 10%, 15%, 20% e 25%, respectivamente. As cores amarelo âmbar e azul marinho correspondem aos valores de correlação da métrica de avaliação proveniente de modelos construídos com dados de ausências reais (dados PEA) e modelos construídos com dados de pseudo-ausências (dados PPA), respectivamente.

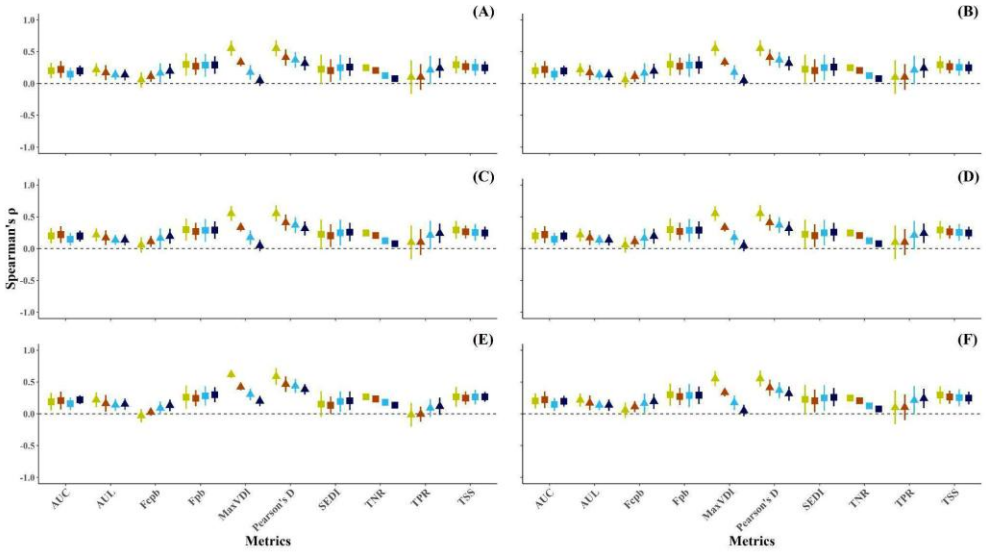


Fig. 3.3.20. Média das correlações (eixo Y) das métricas de avaliação (eixo X) com a métrica de sobreposição (I) para quatro prevalências (10% = amarelo, 15% = marrom, 20% = azul claro e 25% = azul escuro). Quadrados e triângulos correspondem às métricas presença-ausência (PA) e presença-apenas (PO), respectivamente. As barras correspondem aos respectivos desvios padrão. Na coluna da esquerda (A, C e E) está o limiar que maximiza os valores de sensibilidade (TPR) mais especificidade (TNR) denominado MaxSpecSens, e na coluna da direita (B, D e F) está o limiar que maximiza os valores de sensibilidade (TPR) na menor área predita denominado Threshold Maximum D - TMD. Nas linhas, de cima para baixo, os valores obtidos com 50, 75 e 100 registros de ocorrências, respectivamente.

Integração de modelos correlativos e mecanicistas para estimar o nicho e avaliar o impacto da mudança climática

As mudanças globais impõem vários desafios à biodiversidade e uma previsão confiável da vulnerabilidade atual e futura das espécies deve considerar vários estressores e características intrínsecas das mesmas. Clima, fisiologia e cobertura florestal, por exemplo, são necessários para avaliar a ameaça às espécies dependentes da floresta e termolábeis, como as preguiças (*Bradypus* spp.; Mammalia: Xenarthra). Tourinho et al. (2022) estimaram as mudanças futuras na distribuição de três espécies de preguiças usando um modelo híbrido metabólico focado no clima (abordagem apenas climática, CO) e adicionando restrições de cobertura florestal à distribuição das espécies (abordagem de clima mais cobertura florestal, CL). Para tanto, utilizaram um método inovador para gerar estimativas de parâmetros fisiológicos para endotérmicos, validado com dados de campo. A abordagem CO previu uma expansão líquida futura da distribuição de *B. torquatus* e *B. variegatus*, e uma contração líquida futura da distribuição de *B. tridactylus*. A inclusão de restrições de cobertura florestal, no entanto, reverteu as previsões de *B. torquatus*, com uma contração da distribuição líquida prevista (Fig. 3.2.21). A restrição de cobertura florestal também reduziu a expansão de *B. variegatus*, embora ainda exiba uma grande expansão líquida. Assim, *B. variegatus* não está previsto para ser ameaçado no futuro; *B. tridactylus* emerge como a espécie mais vulnerável às mudanças climáticas, mas sem perdas florestais consideráveis, enquanto *B. torquatus* mostra o padrão oposto. Esse estudo destaca a importância de incorporar múltiplos estressores em modelos preditivos em geral. Para aumentar a resiliência das espécies às mudanças climáticas, é fundamental controlar o desmatamento na Amazônia para *B. tridactylus* e promover o reflorestamento na Mata Atlântica para *B. torquatus*.

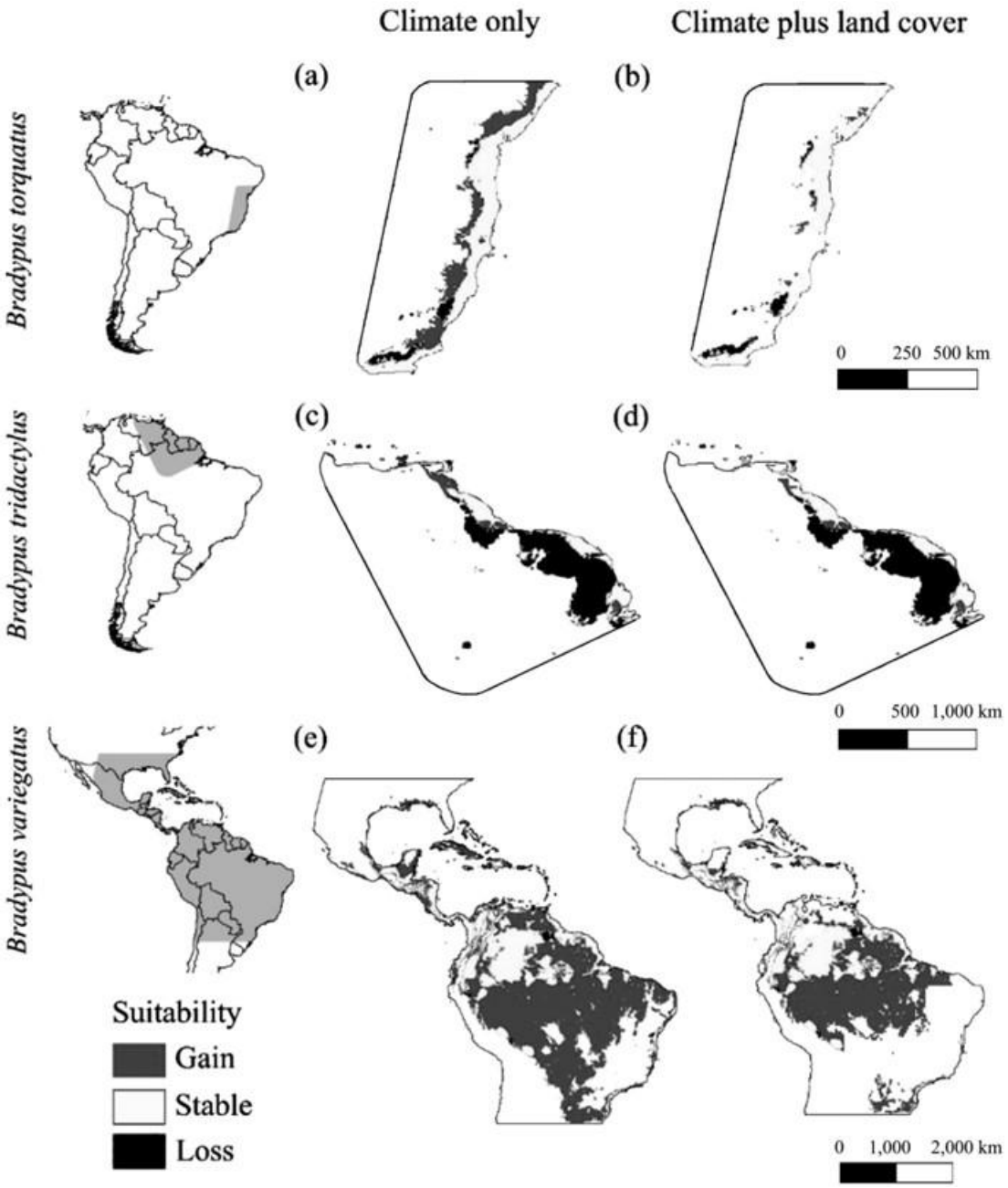


Fig. 3.3.21. Mudanças futuras na distribuição das preguiças considerando CO (a, c, e) e CL (b, d, f). Os polígonos no entorno das distribuições das espécies (linha preta) mostram as áreas de calibração e projeção usadas nos modelos.

Impacto das mudanças climáticas na escala da paisagem

Embora alguns estudos tenham abordado os efeitos combinados das alterações climáticas e da perda de habitat na biodiversidade em escala regional, ainda não está claro até que ponto as alterações climáticas irão impactar a ocorrência de espécies na escala da paisagem. Em uma análise dos efeitos potenciais das mudanças climáticas na escala da paisagem para 11 espécies de aves endêmicas da Mata Atlântica (Tourinho et al. 2022) quantificaram a adequação climática atual e futura para cada espécie usando modelos de nicho ecológico, e mensuraram mudanças na quantidade e na estrutura do habitat usando análises de conectividade (Fig. 3.3.22). Os resultados sugerem que a adequação climática na escala da paisagem irá variar pouco (<3%) das condições atuais para as futuras. As paisagens que atualmente apresentam a maior adequabilidade para as aves continuarão provavelmente a ser altamente adequadas no futuro, independentemente das alterações climáticas. Para as aves endêmicas da Mata Atlântica, esses resultados sugerem que as mudanças climáticas terão efeitos menores no nível da paisagem, o que não exclui potenciais impactos em escala regional. Este estudo apoia a percepção crescente de que, nas regiões tropicais, a mudança no uso da terra é uma ameaça urgente à biodiversidade.

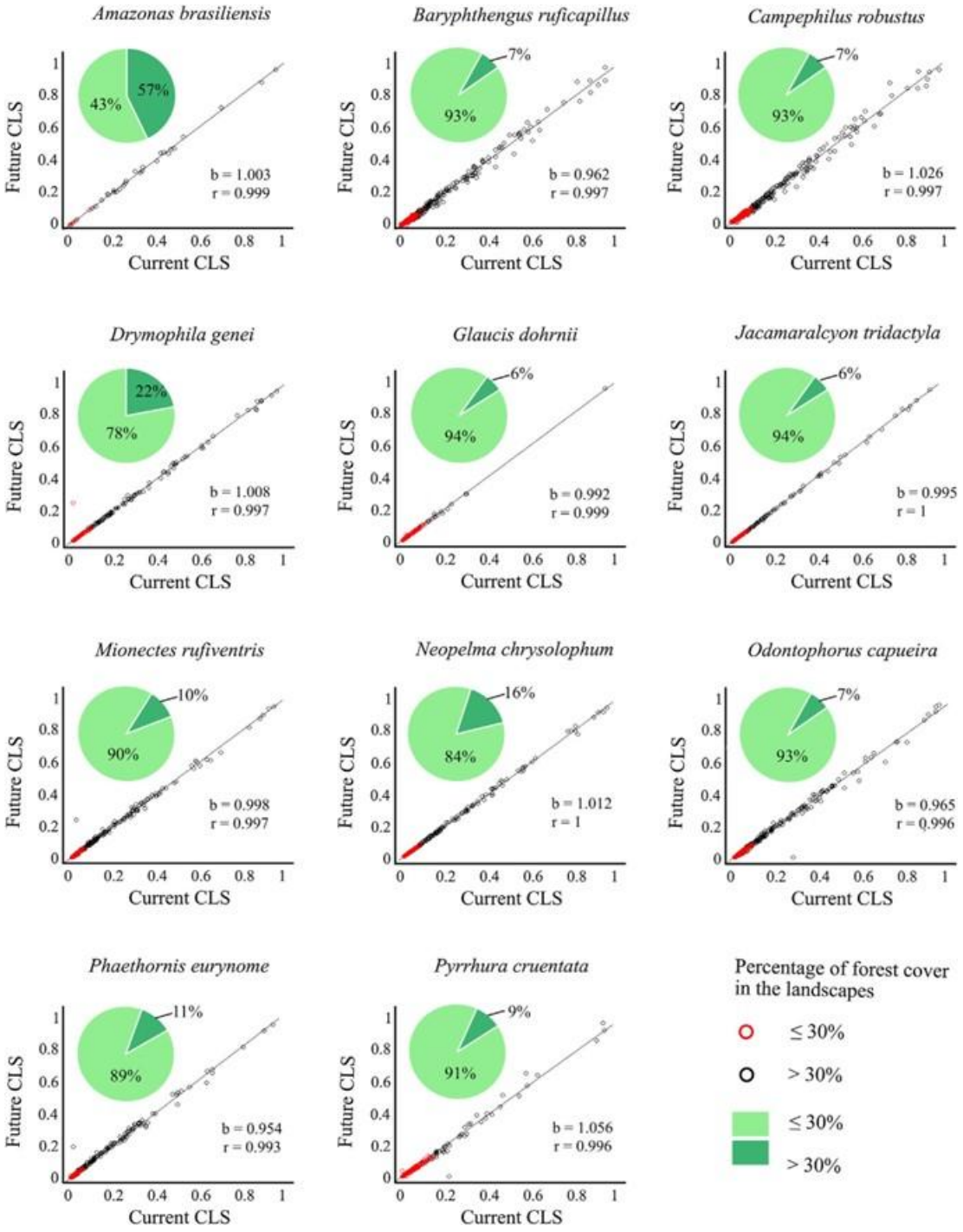


Fig. 3.3.22. Correlação entre a adequabilidade combinada do presente e futuro da paisagem (CLS). Os pontos vermelhos representam paisagens com ≤30% de cobertura florestal; os pontos pretos representam paisagens com >30% de cobertura florestal. A inclinação (b) e o coeficiente de correlação (r) também são mostrados. Os gráficos circulares referem-se à proporção de cobertura florestal. O verde escuro representa a proporção de paisagens com ≤30% de cobertura florestal e o verde claro representa a proporção de paisagens com >30% de cobertura florestal.

A expansão da distribuição da serpente cascavel Crotalus durissus *pode ser explicada pela mudança climática*

A cascavel *Crotalus durissus* é distribuída na América do Sul e geralmente está associada a áreas abertas na diagonal seca do continente, composta por biomas xérico e savana. A partir da década de 1950, porém, a espécie passou a ser registrada em biomas de florestas tropicais. A mudança no uso da terra, especialmente a conversão de florestas em pastagens, continua a ser uma hipótese amplamente aceita, mas ainda não testada, para explicar essa expansão da área. Uma hipótese alternativa igualmente não testada é a das alterações climáticas em curso como propulsor dessa expansão. Guerra et al. (2023) modelou a distribuição atual de *C. durissus* usando registros de ocorrência anteriores a 1950 para calibração do modelo. As previsões do modelo foram então avaliadas usando registros de ocorrências pós-1950. Os conjuntos de modelos consideraram (i) apenas preditores bioclimáticos, (ii) apenas preditores de uso e cobertura da terra e (iii) uma combinação de ambos. Os resultados indicaram que desde 1950 a distribuição geográfica de *C. durissus* está expandindo principalmente devido ao aumento das áreas de pastagem e, secundariamente, devido às mudanças contínuas no clima (mudanças na isotermalidade e precipitação) (Fig. 3.3. 23). Essa expansão da distribuição abrange o Chaco argentino e o arco de desmatamento da Amazônia, que eram inadequados antes da década de 1950. A contínua expansão do alcance da cascavel pode se tornar um problema de saúde pública, visto que se trata de uma cobra venenosa de importância médica. A expansão da distribuição neotropical de cascavéis pode ser controlada por meio de políticas públicas destinadas a conter o desmatamento (especialmente na Amazônia e no Gran Chaco) e a incentivar o reflorestamento (especialmente na Mata Atlântica brasileira).

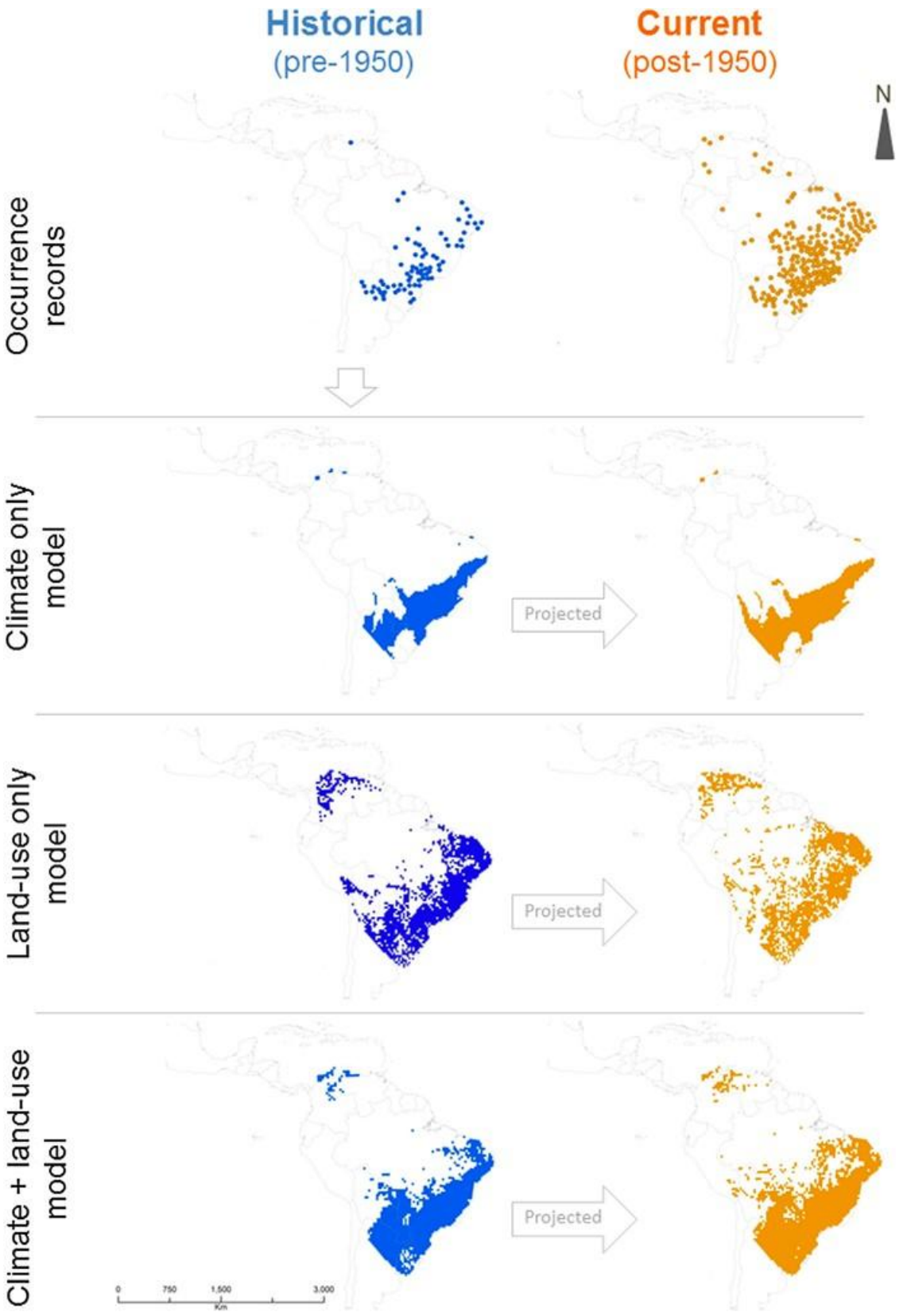


Fig. 3.3.23. Registros de ocorrência e três conjuntos de modelos de nicho ecológico para C. durissus. Os modelos foram calibrados usando registros de ocorrência anteriores a 1950 e projetados para o período pós-1950.

Espécies ectotérmicas e de altas latitudes poderão ser mais impactadas pelas mudanças climáticas em curso

Vários estudos têm apontado para mudanças nas distribuições das espécies em direção a climas mais frios. Mas ainda há uma grande lacuna na compreensão da componente latitudinal e das diferenças entre ectotérmicos e endotérmicos nessas mudanças. Ramalho et al. (2023) avaliaram a latitude e a termorregulação das espécies como variáveis explicativas nas mudanças de distribuição induzidas pelo clima. Para esse estudo, conduziram uma extensa revisão da literatura, selecionando estudos empíricos que forneceram informações sobre a direção e/ou magnitude das mudanças de amplitude latitudinal e altitudinal induzidas pelo clima de quase 400 espécies. Também construíram modelos lineares mistos para analisar dados de distribuição categórica e contínua. Os resultados mostram que muitas espécies mudaram consistentemente suas áreas de distribuição em direção aos pólos ou altitudes mais elevadas (Fig. 3.3.24). Mais importante ainda, o estudo revelou que quanto maior a latitude, maior a mudança de amplitude latitudinal, e que os ectotérmicos mostram respostas de mudança de amplitude mais fortes às mudanças climáticas em curso do os endotérmicos (Fig. 3.3.25). Esses resultados mostram que já estão ocorrendo mudanças de amplitude como resultado de um ligeiro aquecimento global. À medida que o aquecimento global se intensifica, as espécies poderão em breve atingir limites rígidos de adaptação, onde a mudança de distribuição já não é uma opção, especialmente para os ectotérmicos e as espécies de altas latitudes.

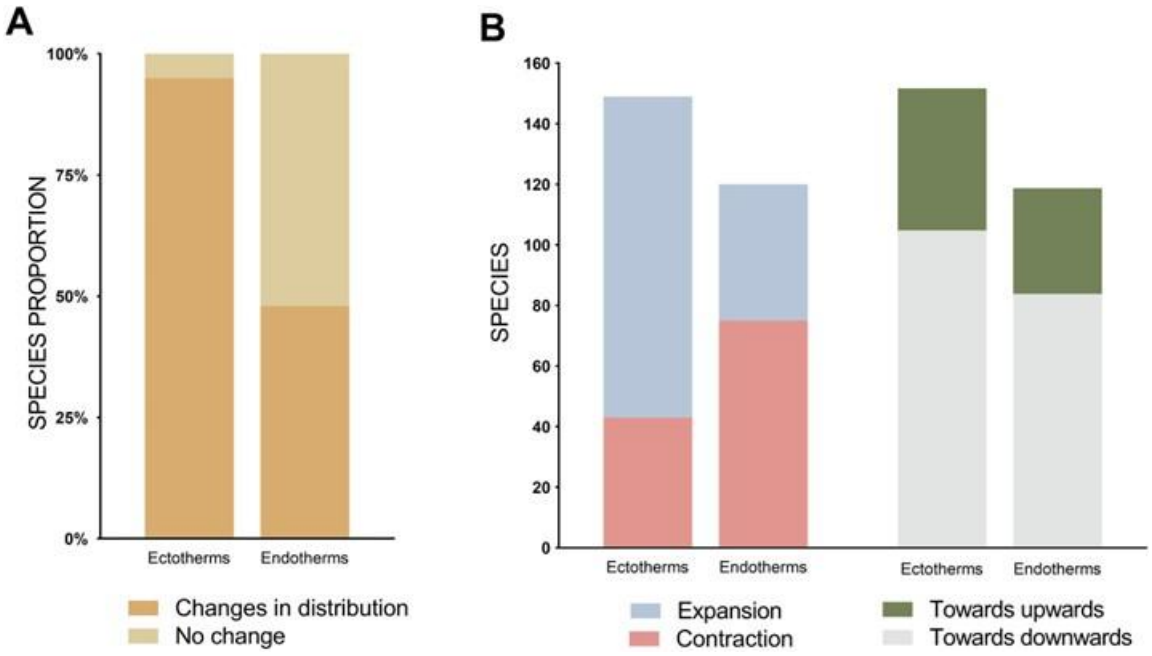


Fig. 3.3.24. Impacto das mudanças climáticas na distribuição atitudinal das espécies. A) Proporção de espécies endotérmicas e ectotérmicas que sofreram mudanças de amplitude altitudinal. Valores entre parênteses indica o número total de espécies avaliadas. B) Número de espécies endotérmicas e ectotérmicas que sofreram mudanças de amplitude altitudinal, indicando quantas sofreram expansões e quantas sofreram contrações na amplitude altitudinal, bem como cuja distribuição se deslocou em direção ao topo ou base da montanha.

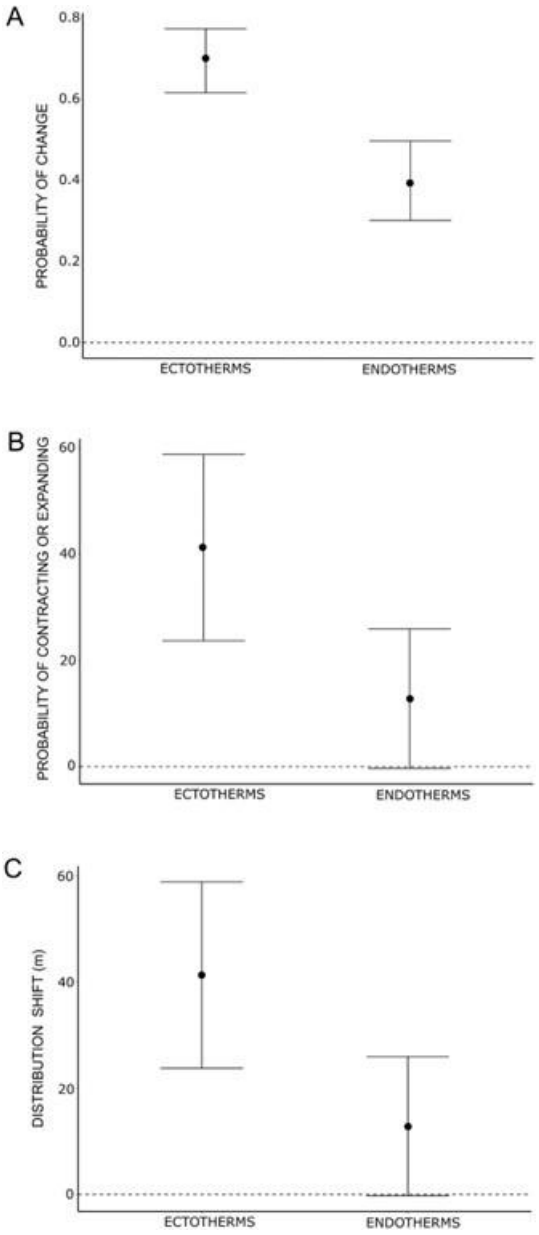


Fig. 3.3.25. Mudanças na distribuição altitudinal. (a) Probabilidade de endotérmicos e ectotérmicos alterarem sua faixa altitudinal. Valores positivos no eixo y indicam a probabilidade de mudança de distribuição altitudinal da espécie; a linha horizontal mostra a ausência de probabilidade de mudança de faixa (y = 0). (b) Probabilidade de endotérmicos e ectotérmicos contrairem ou expandirem sua faixa altitudinal. Valores no eixo y indicam a probabilidade de que as espécies contraiam ou expandam sua altitude faixa; a linha horizontal mostra a ausência de mudança no intervalo de probabilidade (y = 0). Ambos ectotérmicos e endotérmicos apresentaram resultados significativos. (c) Resposta de endotérmico e ectotérmicos em estudos altitudinais. Valores positivos no eixo y indicam deslocamentos de espécies para cima (em metros) e valores negativos indicam deslocamentos para baixo; a linha horizontal não mostra nenhuma mudança de intervalo (y = 0). Os pontos representam mudanças médias entre ectotérmicos e endotérmicos e as barras representam os intervalos de confiança de 95%.

Impacto das mudanças climáticas nos serviços ecossistêmicos providos pelos mamíferos terrestres no Brasil

Neste estudo, avaliamos o risco de mudanças climáticas para 11 serviços ecossistêmicos fornecidos por mamíferos terrestres brasileiros, mapeando sua distribuição potencial usando modelagem de nicho ecológico. Avaliamos o risco estimando a riqueza de espécies (para cada SE) e a riqueza de SE (para SE sobrepostos) sob condições atuais e futuras. Embora a maioria das espécies esteja projetada para experimentar contrações de distribuição, no geral, espera-se que os SE individuais e suas sobreposições estejam menos em risco devido às mudanças climáticas (ou seja, ganho em redundância de provedores ou área de fornecimento). A Amazônia surge como um hotspot para o fornecimento de SE por mamíferos, mostrando a maior redundância e, em alguns casos, expansão do fornecimento de SE (Fig. 3.3.26). Como os SE são benefícios para as pessoas, e a Amazônia é a região menos populosa do Brasil, esse excedente pode não se traduzir em ganho de serviço real. Por outro lado, espera-se que a densamente povoada Mata Atlântica e o sul do Cerrado e do Pantanal percam SE no futuro. No geral, há uma necessidade urgente de esforços de conservação e restauração, particularmente em regiões densamente povoadas em risco de perder espécies provedoras e seus ES, como na Mata Atlântica. (Artigo publicado em Tourinho et al. (2024) Projected impacts of climate change on ecosystem services provided by terrestrial mammals in Brazil. Ecosystem Services, 71: 101687).

No ciclo II do EECBio, um dos subprojetos a serem desenvolvidos refere-se à expansão das análises desta subseção para outros grupos de vertebrados do Brasil.

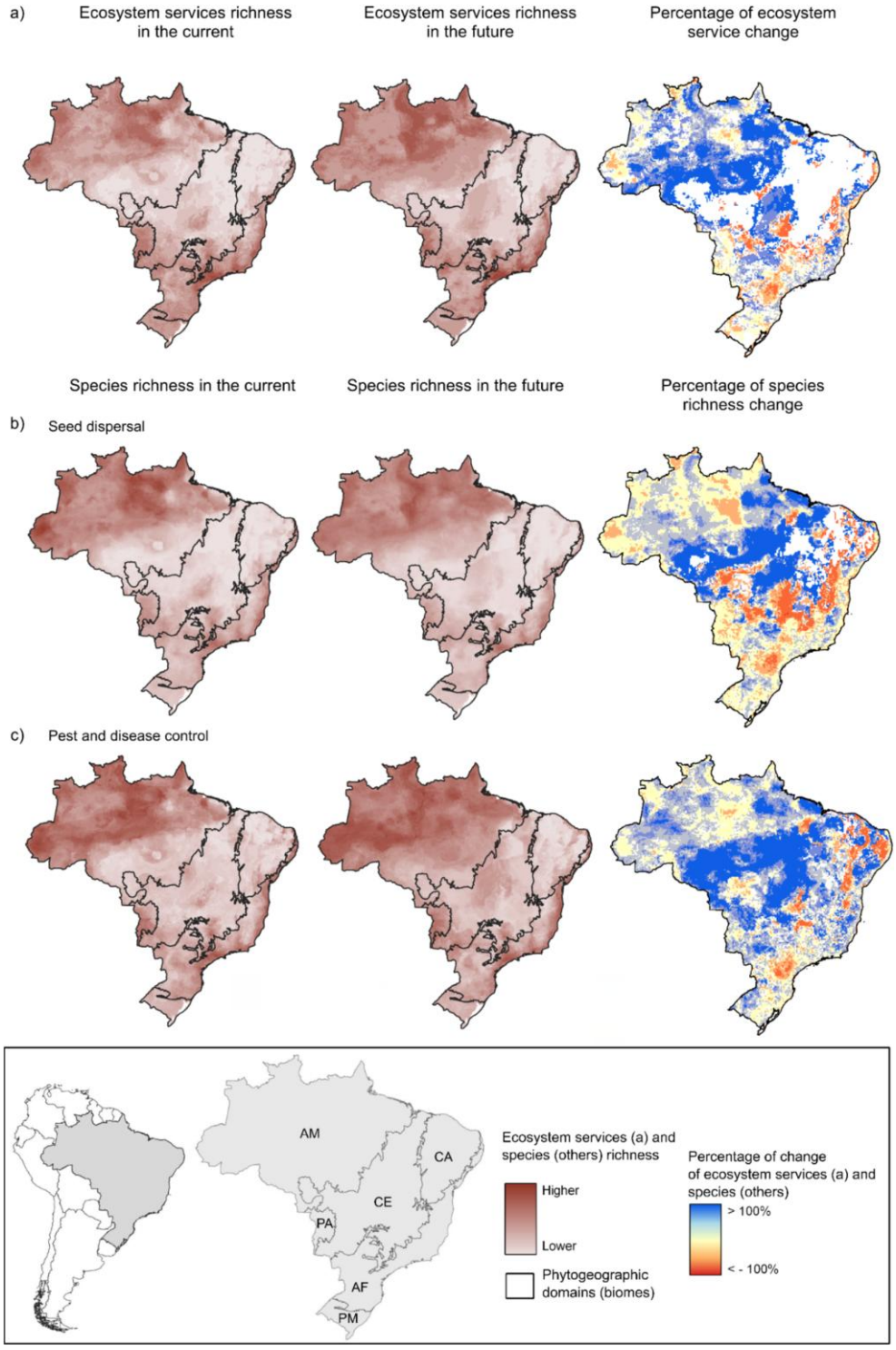


Fig. 3.3.26. Mudanças na riqueza de serviços ecossistêmicos (SE) e espécies provedoras. A riqueza de SE é mostrada para cenários atuais (painel a - esquerda) e futuros (painel a - centro). Tons mais escuros de marrom indicam maior riqueza, enquanto tons mais claros representam menor riqueza, com divisões internas mostrando os biomas brasileiros: Amazônia (AM), Mata Atlântica (AF), Caatinga (CA), Cerrado (CE), Pantanal (PA), Pampa (PM). A mudança percentual em SE, excluindo áreas de contração e expansão, é retratada à direita (a), onde cores mais quentes indicam maior perda em comparação com as mais frias. Da mesma forma, mudanças na riqueza de espécies para dois SE específicos são mostradas como exemplos (painel b – dispersão de sementes e painel c – controle de doenças de pragas) para a mudança atual (esquerda), futura (centro) e percentual (direita).

Risco climático aos serviços ecossistêmicos de mamíferos e políticas públicas no maior centro econômico do Brasil

Este estudo, fase de revisão, avaliou a ameaça representada pelas mudanças climáticas a 11 serviços ecossistêmicos proporcionados pelos mamíferos, no estado de São Paulo. Para a distribuição potencial dos serviços ecossistêmicos, foram combinadas as distribuições geradas a partir de modelos de nicho ecológico para as espécies de mamíferos. Foram também revisados os instrumentos de políticas públicas do estado que levam em consideração os impactos das mudanças climáticas na fauna e nos serviços ecossistêmicos. Os resultados obtidos indicam que muitos serviços ecossistêmicos proporcionados pelos mamíferos terão sua redundância reduzida no futuro; serviços chave como polinização, controle de pestes, dispersão de sementes e regulação de doenças estão sob maior risco, especialmente em regiões metropolitanas e áreas de agricultura, o que pode indicar ameaças a estabilidade ecológica e a resiliência social (Fig. 3.3.27). Embora muitos instrumentos de política pública do estado de São Paulo dão suporte, de forma indireta, à conservação da biodiversidade por meio da restauração e de áreas protegidas, apenas dois instrumentos abordam diretamente os impactos da mudança climática sobre a fauna e serviços ecossistêmicos. O estudo aponta para a necessidade de políticas públicas voltadas a proteger espécies que proporcionam serviços ecossistêmicos, frequentemente negligenciadas, e indica avanços na compreensão de como a relação entre ciência e política podem conjuntamente conservar a biodiversidade diante da mudança climática em curso. (Artigo em revisão: Tourinho, L., Vale, M., Chaves, R., Boscolo, D., Carvalho, R., Moreira, E., Azevedo, C. In review. Protecting Fauna, Supporting Humans: Climate risk to mammal ecosystem services and public policies in Brazil's economic center. People & Nature).

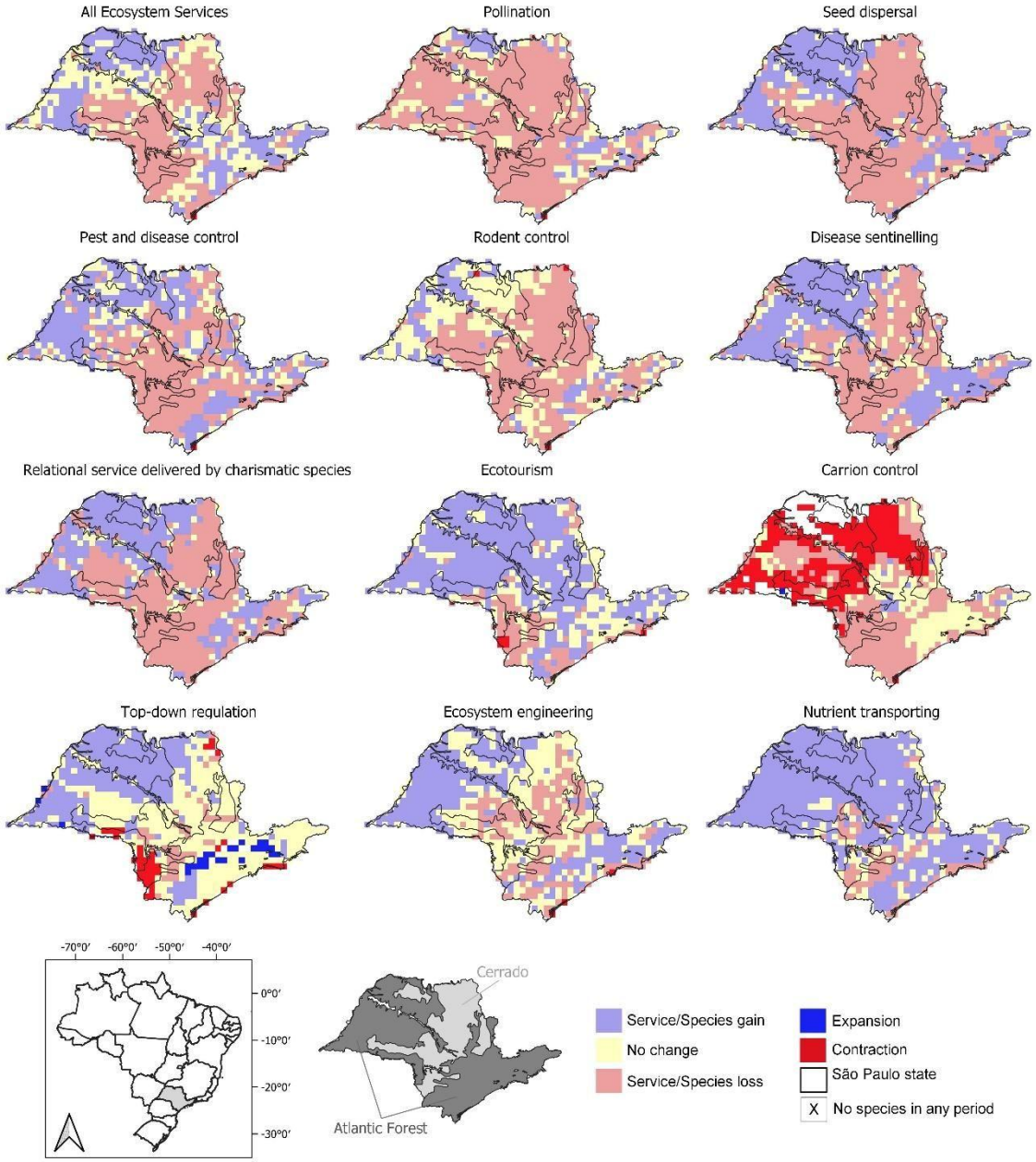


Fig. 3.3.27. Mudanças na riqueza de serviços ecossistêmicos (SE) e riqueza de mamíferos. As mudanças na provisão de SE (canto superior esquerdo) destacam áreas onde os modelos preveem ganho total de SE (azul) e perda total de SE (vermelho), bem como regiões onde alguns serviços são perdidos (azul claro), ganhos (rosa) ou permanecem estáveis (amarelo). As mudanças de distribuição na provisão de SE (demais mapas) destacam áreas de expansão de SE (azul) e contração de SE (vermelho), bem como regiões onde a redundância de SE (ou seja, riqueza de provedores) aumenta (azul claro), diminui (rosa) ou permanece estável (amarelo). O estado de São Paulo inclui o Cerrado na região central e a Mata Atlântica nas regiões leste e oeste.

Cenário de mudança climática otimista reduz pela metade o risco de perda de área de distribuição geográfica do golfinho Sotalia guianensis

O estudo avalia como as mudanças climáticas poderão impactar a adequabilidade de hábitat do golfinho da Guiana *Sotalia guianensis*, espécie endêmica do Oceano Atlântico tropical. Foram utilizados dados de revisão sistemática entre 1987 a 20023, complementados por informações de bases de dados para gerar um conjunto de registros de ocorrência e gerar modelos de distribuição de espécies. Os modelos de distribuição foram projetados para os cenários futuros do CMIP6: cenário otimista (SSP1-2.6), cenário intermediário (SSP2-4.5) e pessimista (SSP5-8.5) e as projeções foram validades a partir do conhecimento de experts. Os modelos indicam que a distribuição da espécie será reduzida sob todos os cenários (Fig. 3.3.28). Em 2070, sob o cenário pessimista, está prevista uma redução de 46.9% do hábitat adequado; essa redução é o dobro do previsto para o cenário otimista, para o qual se espera uma redução 23%. Os resultados sugerem que o golfinho da Guiana poderá perder habitat no nordeste do Brasil e ao longo da costa do Caribenha. A área de distribuição poderá ser fragmentada e reduzida ao sudeste e sul do Brasil, regiões cuja área costeira é muito urbanizada e degradada. Esses resultados indicam a necessidade de desenvolver ações em prol da conservação da espécie, como ampliar as áreas marinhas protegidas. (Artigo em revisão: Tardin et al. In Review. Optimistic climate mitigation scenario halves projected range loss in a neotropical dolphin. Ocean and Coastal Management).



Fig. 3.3.28. Mudanças na distribuição geográfica do Golfinho da Guiana projetado pelos modelos de nicho em diferentes cenários. Cenário otimista SSP1-26 (topo), intermediário SSP2-45 (meio) e pessimista SSP5-85 (inferior). Os modelos indicam uma perda da área de ocorrência nas regiões Nordeste e Norte do Brasil, ao longo do Mar do Caribe, que é intensificada na medida em que o cenário de mudança climática se torna mais pessimista.

O Acordo de Paris poderá reduzir em dois terços o deslocamento na distribuição da pesca em consequência da mudança climática.

Este estudo realizou uma metanálise por meio da revisão de ~1900 projeções de risco pelas mudanças climáticas para 620 espécies de interesse pesqueiro ao redor do mundo, para quantificar o potencial das estratégias de mitigação em proteger a pesca e a segurança alimentar. Os resultados indicam que, embora a pesca não terá redução substancial em sua área de ocorrência, mudanças severas na distribuição da pesca poderão ocorrer, por exemplo, com 92% das projeções indicando uma mudança em direção às regiões polares (mudança de 50 km por década), na ausência de ações de mitigação (Fig. 3.3.29). Por outro lado, estratégias de mitigação das mudanças climáticas a partir do Acordo de Paris sugerem que dois terços das mudanças poderão ser potencialmente evitados. Além disso, a conformidade com o Acordo de Paris poderá reduzir o risco de extinção local de espécies em cinco vezes quando comparado à ausência de mitigação. Portanto, o Acordo de Paris representa uma estratégia primordial para salvaguardar atividades de pesca diante das mudanças climáticas e garantir a segurança alimentar para regiões altamente dependentes de recursos pesqueiros. (Artigo em revisão: Gama-Maia, D.J., Manes, S., Malecha, A, Viaggi, J., Tardin, R.H., Vale, M.M. In review. Paris Agreement can reduce up to two-thirds of climate change-induced displacement in fisheries distribution worldwide. Reviews in Fish Biology and Fisheries).

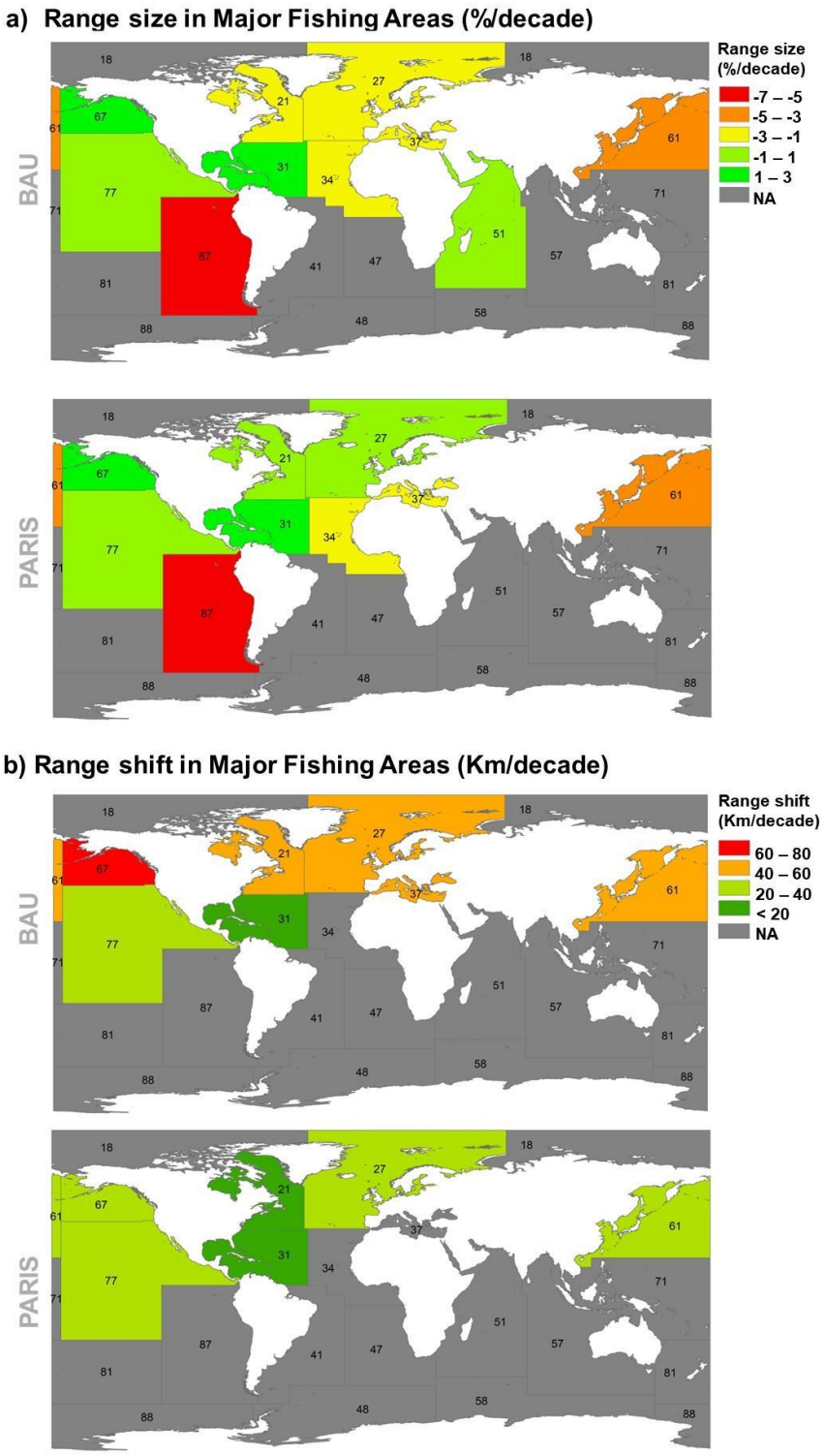


Fig. 3.3.29. Impacto da mudança climática na distribuição da pesca na Principais Áreas de Pesca sob diferentes cenários de mudança climática. (a) Mudança nas áreas de distribuição (aumento ou decréscimo das extensões de ocorrência das espécies); (b) Deslocamento das distribuições (distância da área de distribuição atual em relação a distribuição futura). Os impactos são apresentados sob o cenário BAU (Business-as-usual) e sob o cenário do Acordo de Paris. Os números representam o código para as diferentes áreas de pesca de acordo com a FAO.

Risco e adaptação de sistemas sócio-ecológicos às mudanças globais em florestas secas do Nordeste da América do Sul.

Foi realizada uma avaliação do impacto da mudança climática para a bacia do Rio São Francisco, uma importante bacia hidrográfica da região, incorporando os três componentes de risco - ameaças, exposição e vulnerabilidade. Analisamos o uso e cobertura da terra e os ameaças da mudança climática, a exposição da população humana e a vulnerabilidade socioambiental mapeando serviços ecossistêmicos e índices socioeconômicos. Identificamos 15 municípios de alto risco de um total de 455 na região do estudo, sugerindo políticas existentes de adaptação baseada em ecossistemas no nível municipal para reduzir a vulnerabilidade, juntamente com soluções tecnológicas em escala de bacia hidrográfica (Fig. 3.3.30). A abordagem proposta é transferível globalmente, com foco em aumentar a eficácia da adaptação baseada em ecossistemas na resposta às mudanças climáticas. (Artigo em revisão: Niemeyer, J., Resende, F.R., Lima, E.M., Vale, M.M. In review. Risk and adaptation of socio-ecological systems to global change in the dry forests of Northeastern South America. Frontiers in Ecology and Evolution.)

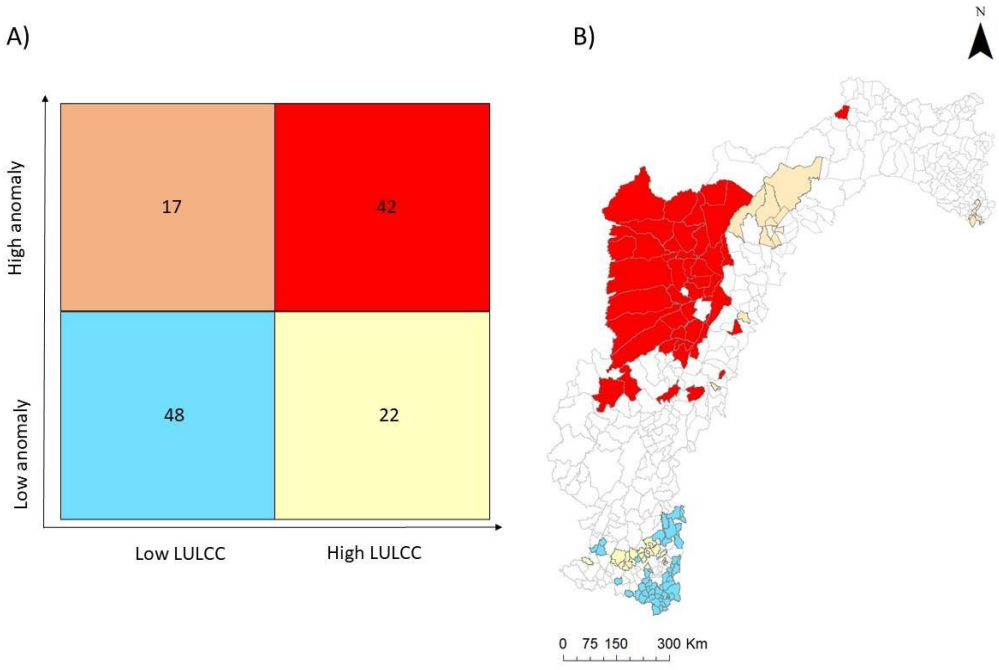


Fig. 3.3.30. Síntese dos riscos climáticos e do uso e cobertura do solo na bacia do Rio São Francisco. (A) Diagrama da combinação entre condições de anomalia climática e alterações de uso e cobertura do solo (LULCC). Os valores em cada área do gráfico indicam o número de municípios que se enquadram em cada categoria. (B) Mapa dos municípios que se enquadram em cada categoria do diagrama. O mapa (B) usa o mesmo padrão de cores do diagrama (A); municípios em branco não se enquadram nas categorias do diagrama.

Ameaças das mudanças climáticas ao predador de topo marinho Steno bredanensis (Cetacea) e às suas presas na costa do Brasil

O estudo realizou o mapeamento dos ambientes adequados para a espécie de golfinho *Steno bredanensis* e três de suas presas: as espécies de peixe *Trichiurus lepturus*, *Mugil liza* e *Mugil curema*. Foram gerados modelos de nicho ecológico com cinco algoritmos de modelagem, depois transformados em mapas binários de distribuição. As áreas adequadas foram sobrepostas às Áreas Marinhas Protegidas (AMPs) brasileiras. Foi observada uma redução de 8,7 a 13,6% nas áreas adequadas para o golfinho no Brasil, principalmente na costa norte e nordeste do país (Fig. 3.3.31). Para as espécies de presa houve uma pequena perda de áreas adequadas para espécies de tainha (3 a 7%) e uma perda moderada para *Trichiurus lepturus* (31-35%). Até o momento, apenas 3,7% das áreas adequadas para golfinhos se sobrepõem às AMPs brasileiras, principalmente em áreas protegidas de baixa proteção. Como a perda futura de áreas adequadas ocorre principalmente fora das AMPs, elas ainda desempenham um papel na mitigação dos impactos das mudanças climáticas sobre as espécies. (Artigo em revisão: Ferreira, J.N., Vale, M.M., Maricato, G., Maciel, I., Lodi, L., Daura-Jorge, F.G., Millman, L., Marcondes, M., Tardin, R. Climate change is likely to jeopardize a marine apex predator (*Steno bredanensis*, Cetacea) and its prey on the coast of Brazil. Marine Environmental Research).

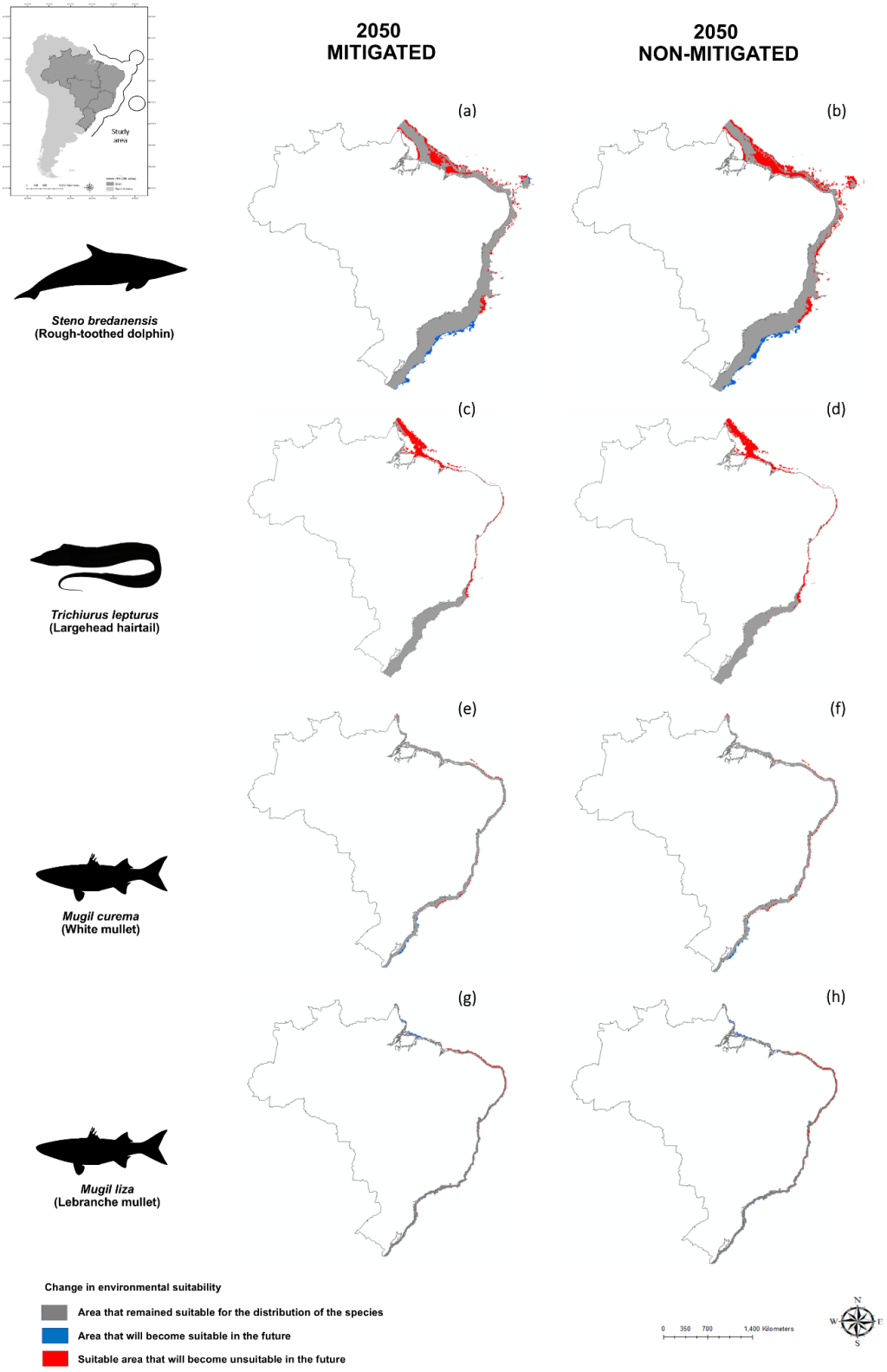


Fig. 3.3.31. Mudanças nas áreas de distribuição do golfinho (a, b) e de suas presas (c-h) sob condições climáticas atuais e futuras: no cenário intermediário (SSP2-4.5) para 2050-2060 (a; c; e; g) e cenário pessimista (SSP5-8.5) (b; d; f; h). A cor vermelha indica áreas que se tornarão inadequadas no futuro, o cinza representa regiões que permanecerão adequadas sob condições atuais e futuras, enquanto a cor azul representa áreas inadequadas no presente que se tornarão adequadas no futuro.

Padrão de incerteza na distribuição potencial da piraíba Brachyplatystoma filamentosum *a partir da ignorância biogeográfica*

Brachyplatystoma filamentosum, conhecida como Piraíba, é uma espécie de grande porte, com ampla distribuição e superexplorada. Na bacia Amazônica, algumas populações encontram-se fragmentadas e em declínio devido a pesca e barragens. Utilizando a metodologia de Mapas de Ignorância Biogeográfica (IB), descrevemos e avaliamos as principais fontes de incertezas relacionadas aos dados de distribuição de *B. filamentosum*. Analisamos a completude do inventário da sua família (Pimelodidae), o decaimento temporal dos registros de ocorrência e a distância espacial-ambiental até os locais sem dados, apresentando um mapa da ignorância biogeográfica. Além disso, combinamos esses mapas com um mapa adequabilidade baseado em modelos de distribuição da espécie para identificar microbacias com maior e menor grau de conhecimento ou ignorância em relação aos dados de distribuição. No total, 1007 microbacias possuíam dados de pimelodídeos para o cálculo da IB baseado na completude e decaimento temporal. As 124 microbacias com presença de *B. filamentosum* possuíam valores de IB que variam de 0.335 a 0.984. Um total de 54 microbacias possuíam valores baixos de IB (<0.5) e 13 valores de IB <0.4.

O mapa de incerteza gerado a partir da junção do modelo de distribuição de espécies mais o mapa de ignorância geográfica apresentam diferentes padrões de incerteza para as bacias de nível 03 (Fig. 3.3.32). Os mapas destacam quatro áreas de incertezas: a) Microbacias com alta adequabilidade para ocorrência e alta ignorância biogeográfica (microbacias roxas a vermelhas): Áreas onde os modelos indicam a possível presença da *B. filamentosum*, mas a elevada incerteza nos dados reduz a confiabilidade dessas previsões. Essas regiões estão espalhadas em diferentes bacias, tais como ao norte e sul da bacia Amazonia, sul da bacia Orinoco e no centro da bacia Araguaia-Tocantins; b) Microbacias com alta adequabilidade e baixa ignorância biogeográfica (microbacias amarelas): Áreas onde as previsões de presença de *B. filamentosum* são consistentes e bem suportadas por informações confiáveis. Essas microbacias estão localizadas principalmente ao longo do rio amazonas, principal rio da bacia amazônica; c) Microbacias com baixa adequabilidade e baixa ignorância biogeográfica os (microbacias cinzas): Áreas classificadas como possíveis ausências de *B. filamentosum*, com base na consistência das predições e nos dados disponíveis; d) Microbacias com baixa adequabilidade e alta ignorância biogeográfica (microbacias azuis): Locais onde a ausência predita de *B. filamentosum* tem pouco respaldo, já que

os dados disponíveis são insuficientes ou incertos. Essas microbacias estão localizadas principalmente no centro-sul da bacia Amazônica e Tocantins-Araguaia, além da na bacia Orinoco. (Artigo em preparação: Moreno et al. (2025) Biogeographical ignorance and incertainty in the geographic distribution of one of the largest Amazonian catfish, *Brachyplatystoma filamentosum*).

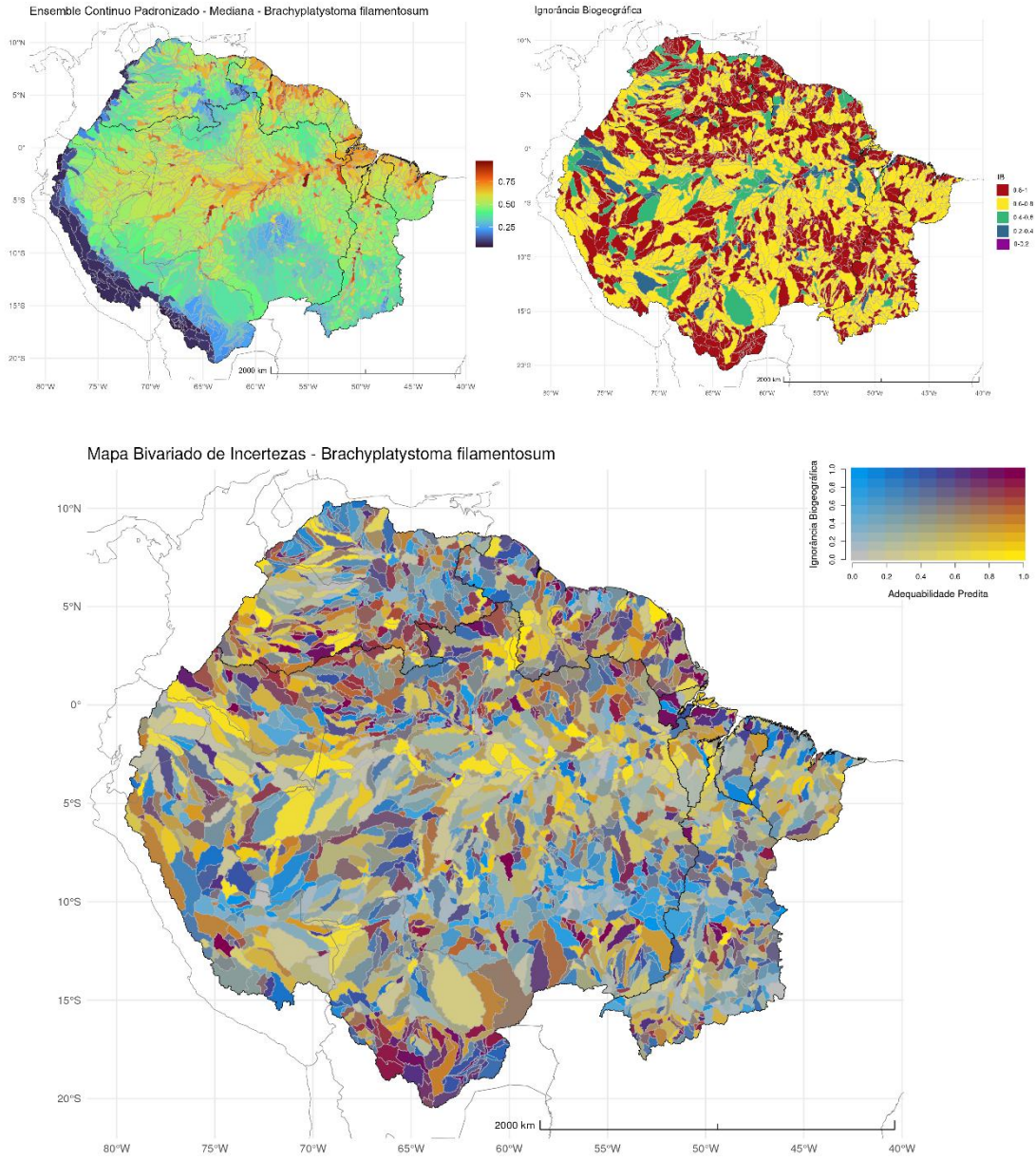


Fig. 3.3.32. Mapa bivariados de incerteza (mapa da porção inferior) baseado nos valores de adequabilidade do mapa de distribuição (mapa na porção superior esquerda) e dos valores do mapa de ignorância biogeográfica (mapa na porção superior direita) de B. filamentosum.

Impacto das mudanças climáticas em anfíbios "Quase Ameaçados" do Brasil

Neste estudo abordamos os efeitos das futuras mudanças climáticas na distribuição geográfica das espécies de anfíbios anuros brasileiros classificados como "Quase Ameaçados" de extinção. Utilizamos a modelagem de nicho ecológico seguindo a abordagem de "*ensemble of small models"*, que torna possível fazer as predições em espécies com distribuição restrita, com poucos registros de ocorrência ou espécies raras. Além disso, calculamos a extensão de ocorrência (EOO) e área de ocupação (AOO) das espécies com base nas distribuições potenciais futuras para verificar os possíveis impactos das mudanças climáticas na distribuição das espécies e mudanças nas categorias de ameaça dessas espécies de acordo com a IUCN. Os resultados mostram que todas as espécies apresentaram redução nos valores de EOO com base nas distribuições potenciais futura e o "*uplisting*" nas categorias, em que uma espécie tem a sua categoria de risco aumentada, indicando um alto impacto negativo das alterações climáticas nas áreas de distribuição das espécies (Tabela 1). As espécies *Proceratophrys paviotii* e *Allobates goianus* foram as espécies que apresentaram maior redução do EOO em todos os cenários climáticos em relação ao atual (Figs. 3.3.33 e 3.3.34, respectivamente). A espécie *P. paviotii* mudaria sua categoria de "Quase Ameaçado" (NT) para "Em Perigo" (EN) em todos os cenários preditos (Tabela 1). A espécie *Allobates goianus*, em todos os cenários analisados, mudaria de "Quase Ameaçado" (NT) para "Em Perigo" (EN), e aumentaria ainda mais a categoria de risco no cenário ssp126 2100, saindo de "Quase Ameaçado" (NT) para "Criticamente em Perigo" (EN), e no cenário ssp245 2100 a espécie seria considerada "Extinta" (EX). Os resultados para todas as espécies analisadas estão detalhados no relatório final da bolsista. (Artigo em preparação: Jardim et al. (2025) The impact of climate change in Near Threatened amphibians from Brazil).

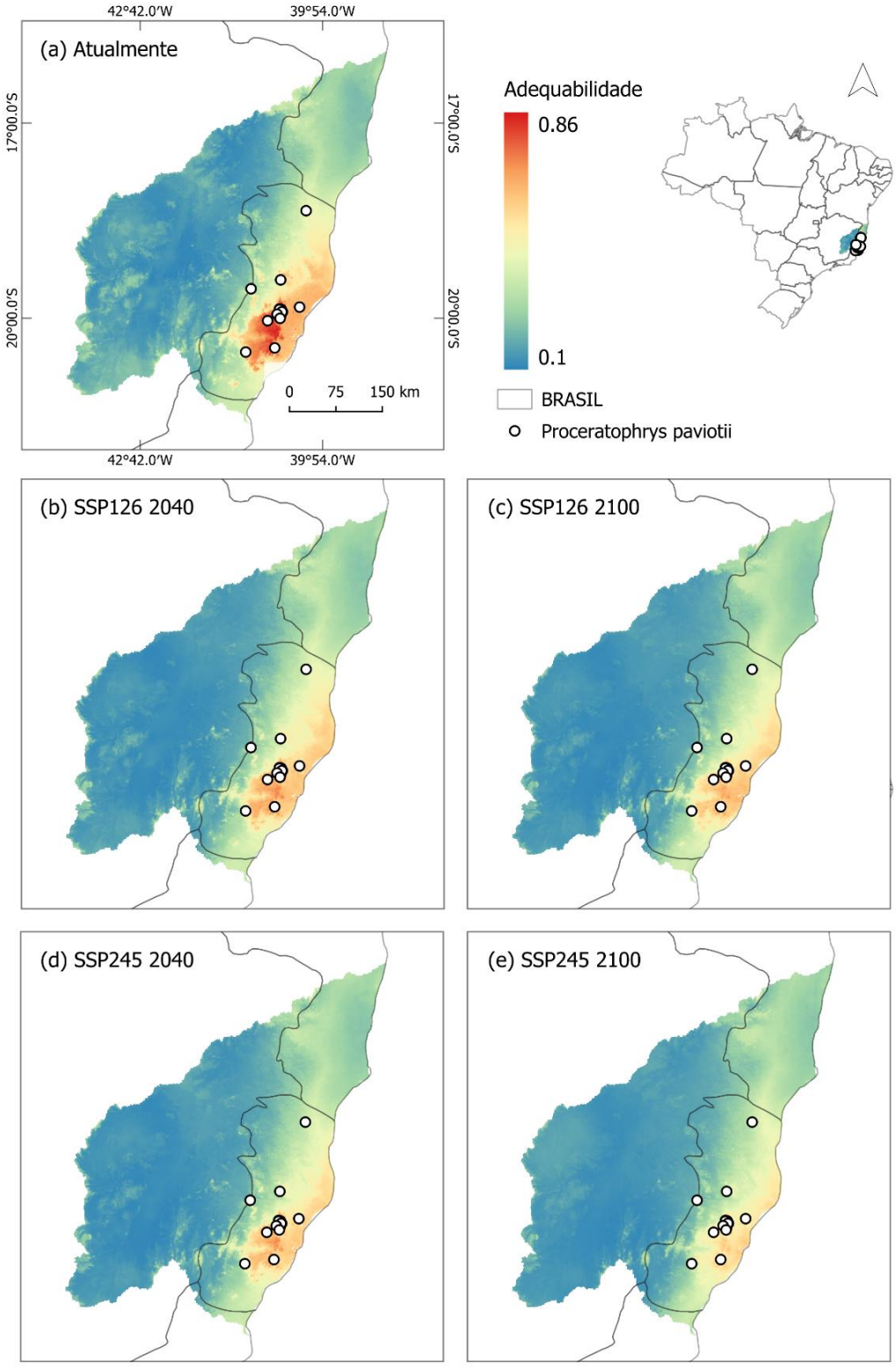


Fig. 3.3.33. Distribuições preditas para a espécie Proceratophrys paviotii; (a) distribuição predita para o presente; (b) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2040; (c) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2100; (d) distribuição predita para o cenário climático ssp245 2040; (d) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2040.

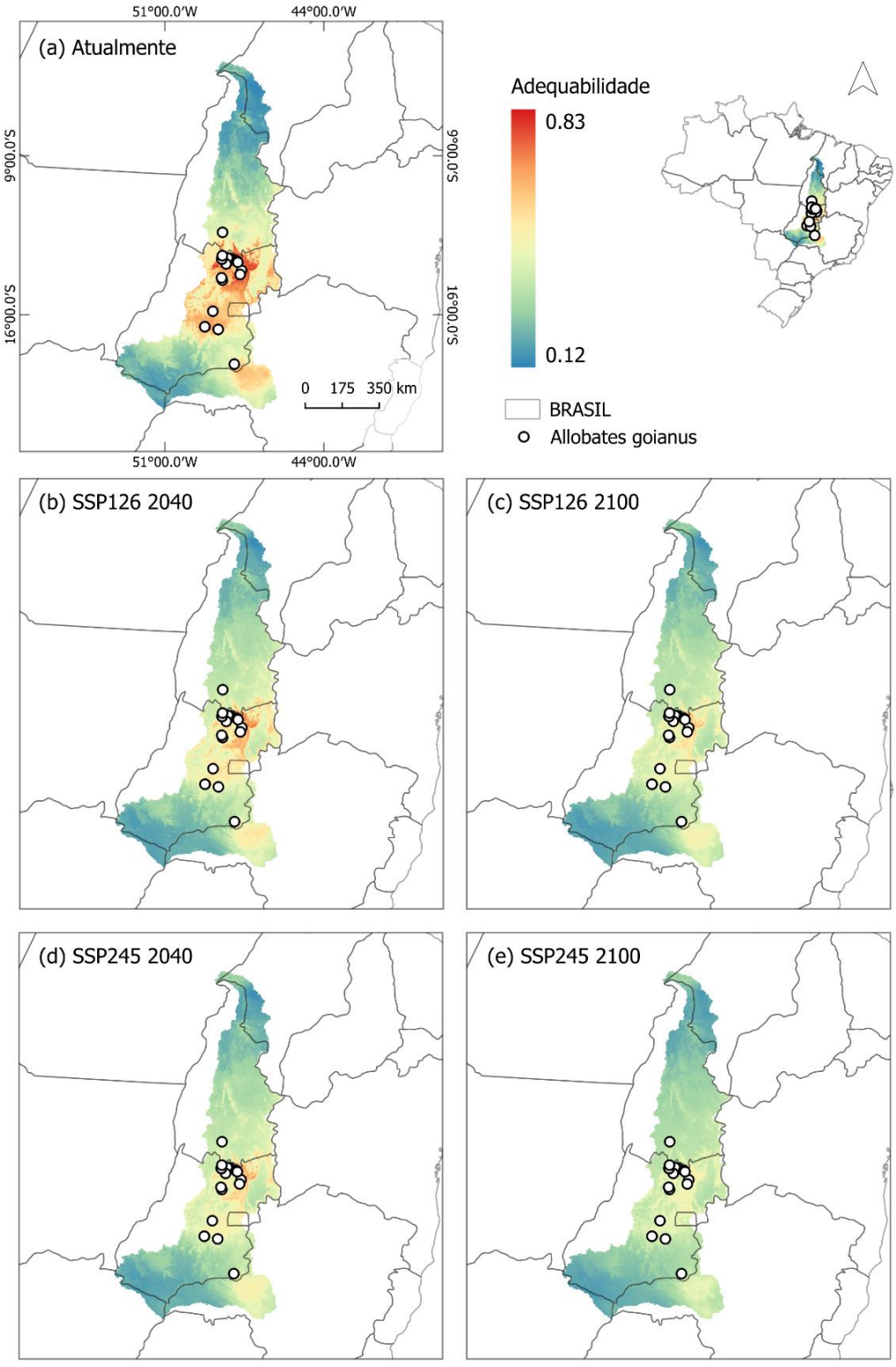


Fig. 3.3.34. Distribuições preditas para a espécie Allobates goianus; (a) distribuição predita para o presente; (b) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2040; (c) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2100; (d) distribuição predita para o cenário climático ssp245 2040; (d) distribuição predita para o cenário climático ssp126 2040.

Tabela 3.3.2. Espécies "Quase Ameaçadas" de extinção, número de registros de ocorrência, threshold (limiar de corte) utilizado para a simulação de extinção de registros para os cálculos de EOO e AOO, valores de área de extensão de ocorrência (EOO) e área de ocupação (AOO) em km² para os cenários climáticos SSP1-2.6 2040 - 2100, SSP2-4.5 2040 - 2100 e as categorias de risco de extinção referente aos valores de EOO e AOO, segundo critério B (IUCN). Legenda categorias de risco de extinção: LC – Menos Preocupante; EN – Em Perigo; VU – Vulnerável; CR- Criticamente em Perigo; EX – Extinto.

Espécie	**Registros**	***threshold***	**Área de Extensão de Ocorrência (km²) – EOO**				**Categoria de risco de extinção**				**Área de Ocupação (km²) - AOO**					
			SSP 126		**SSP 245**		**SSP 126**		**SSP 245**		**SSP 126**			**SSP 245**		
			2040	**2100**	**2040**	**2100**	**2040**	**2100**	**2040**	**2100**	**2040**	**2100**	**Categoria**	**2040**	**2100**	**Categoria**
Adenomera cotuba	11	0.48	64.548	64.548	62.484	62.484	LC	LC	LC	LC	40	40	EN	36	36	EN
Allobates goianus	22	0.56	3.014	8	2.031	-	EN	CR	EN	EX	32	8	EN/CR	16	-	EN/EX
Crossodactylus trachystomus	9	0.50	3.893	3.893	3.893	3.893	EN	EN	EN	EN	32	32	EN	32	32	EN
Holoaden luederwaldti	19	0.42	13.177	13.177	13.177	13.177	VU	VU	VU	VU	68	64	EN	64	64	EN
Leptodactylus camaquara	11	0.55	1.342	1.242	1.342	1.342	EN	EN	EN	EN	28	24	EN	28	28	EN
Melanophryniscus moreirae	53	0.38	2.131	2.100	2.100	2.100	EN	EN	EN	EN	164	160	EN	160	160	EN
Physalaemus evangelistai	9	0.67	6.960	3.436	3.436	570	VU	EN	EN	EN	24	20	EN	20	12	EN
Proceratophrys paviotii	21	0.58	741	275	741	182	EN	EN	EN	EN	56	52	EN	56	48	EN

Atualização da base de dados ecoclimate para o presente e o futuro

Neste estudo, apresentamos novas camadas climáticas para a base de dados ecoClimate. Os novos dados climáticos derivam de cenários futuros da versão 6 do CMIP, e abrangem o período de 2040 a 2300, de 10 em 10 anos. Os dados originais do CMIP6 foram processados e interpolados pelo método de krigagem para a resolução de 0.5 x 0.5º para o mundo todo. Foram calculadas 19 variáveis bioclimáticas para quatro cenários de três modelos climáticos (Fig. 3.3.35). Observamos, por exemplo que a temperatura média anual (Bio1) e a precipitação anual total (Bio12) poderão aumentar exponencialmente ao longo do tempo no cenário mais pessimista SSP5-8.5 (especialmente a temperatura) Fig. 3.3.36). Por outro lado, no cenário em que as emissões líquidas se tornem negativas até o final do século (SSP5-3.4OS), nota-se a tendência na redução da temperatura ou manutenção das condições similares às atuais. (Artigo em preparação: Freitas-Oliveira et al. (2025) Updating ecoClimate for current and future climate data).

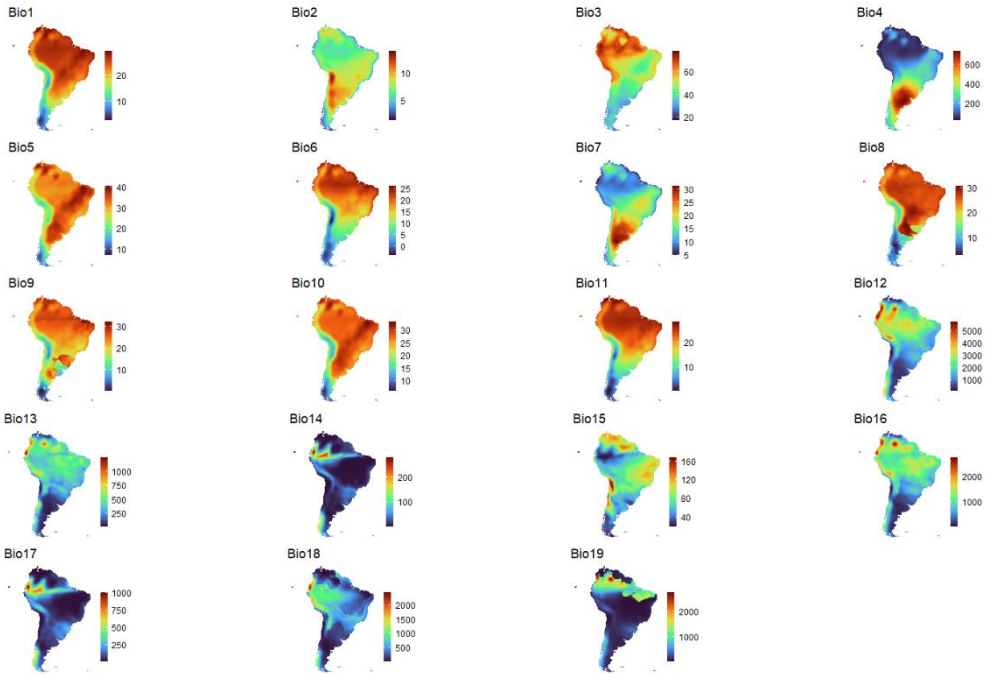


Fig. 3.3.35. Padrão espacial das variáveis bioclimáticas processadas para a nova versão do ecoClimate, para o cenário SSP5-3.4OS do modelo MRI-ESM2-0 para o ano de 2300.

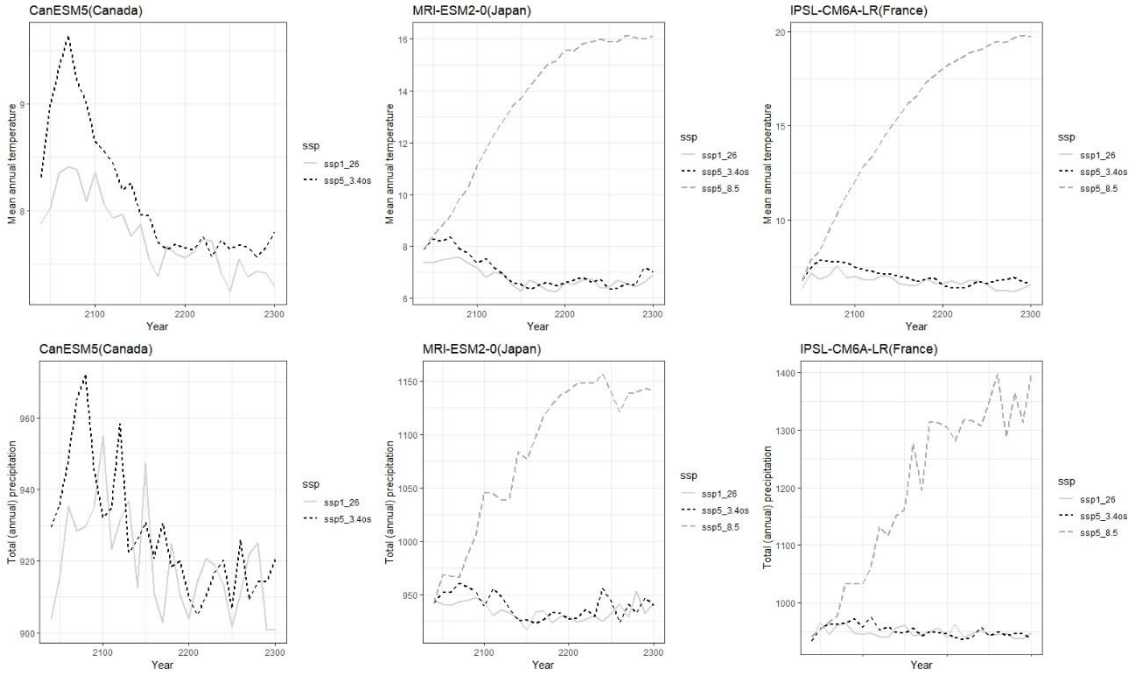


Fig. 3.3.36. Variação temporal (2040-2300) da temperatura média anual (Bio1) de precipitação total anual (Bio12) para os cenários de trajetórias socioeconômicas compartilhadas (SSPs) e modelos climáticos processados.

Impacto da mudança climática na comunidade de insetos bioindicadores aquáticos da Mata Atlântica

O estudo utilizou modelos de nicho ecológico para projetar o impacto das mudanças climáticas na distribuição e riqueza dos táxons de insetos aquáticos, Ephemeroptera, Plecoptera e Trichoptera (EPT) da Mata Atlântica, que são bioindicadores bem conhecidos de mudanças ambientais e abrangem uma métrica essencial para o biomonitoramento de rios e córregos. Descobrimos que EPT está em alto risco de mudanças climáticas futuras, com Plecoptera como a ordem de maior preocupação. Projetamos uma contração na distribuição geográfica de ca. 90% dos gêneros de EPT analisados (Fig. 3.3.37), resultando em uma redução na riqueza de gêneros de EPT sob condições climáticas futuras. Projetamos uma contração de >50% na distribuição de 50% dos gêneros Plecoptera, ≈14% dos gêneros Trichoptera e ≈7% dos gêneros Ephemeroptera. As regiões climaticamente adequadas restantes na Mata Atlântica estão concentradas nas áreas de alta altitude, que podem atuar como refúgios climáticos para a biodiversidade de EPT no futuro. As mudanças projetadas na distribuição e riqueza de EPT podem impactar programas de biomonitoramento conduzidos em ecossistemas tropicais. Restringir a distribuição geográfica de EPT pode

prejudicar seu potencial como bioindicador e influenciar a composição de conjuntos de EPT em locais de referência, o que pode levar a mudanças nas condições de base. (Artigo publicado em: Souza et al. (2024) Bioindicator aquatic insects at risk from climate change in a biodiversity hotspot. Science of The Total Environment, 948: 174824).

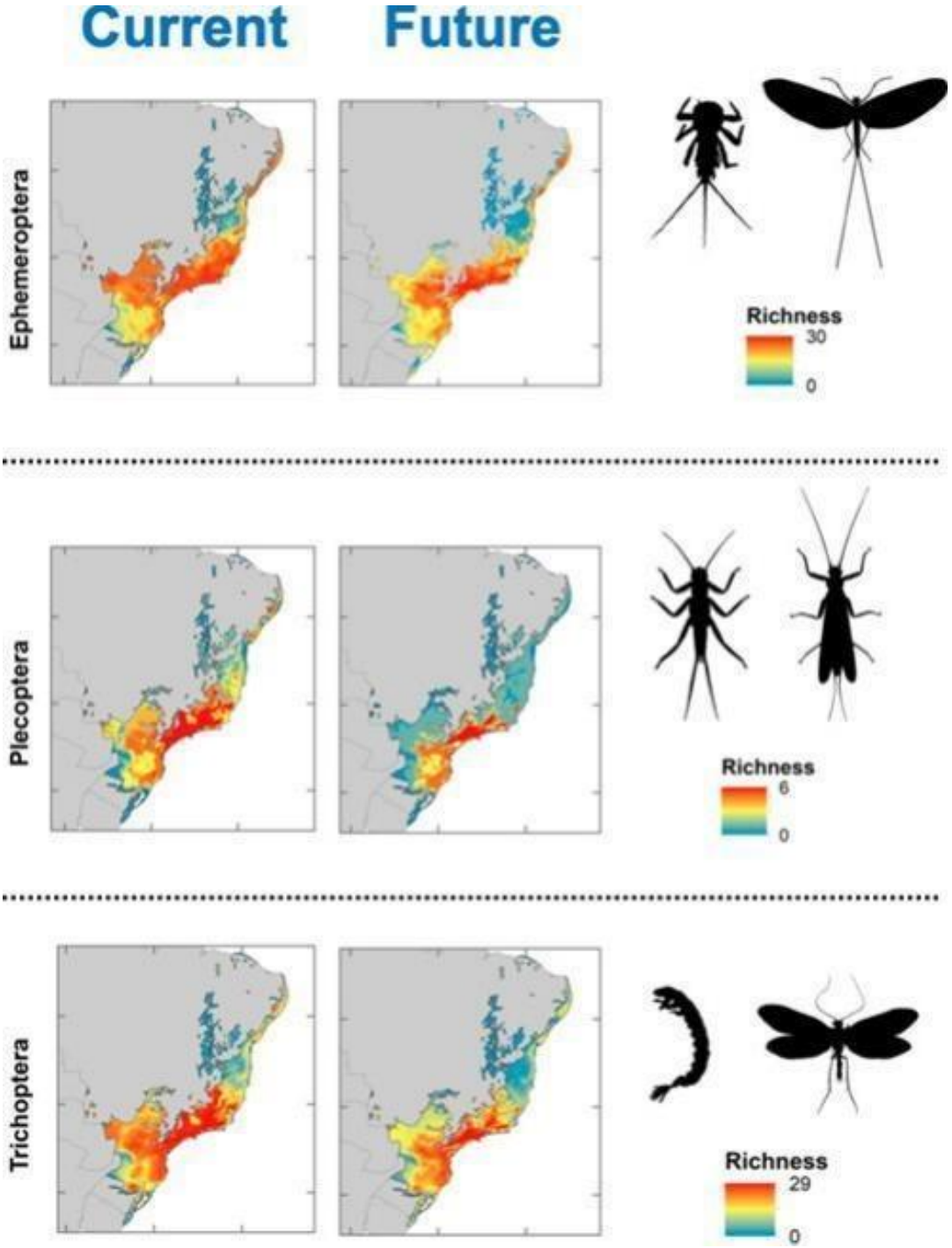


Fig. 3.3.37. Padrão de riqueza da comunidade de três famílias de insetos aquáticos bioindicadores na Mata Atlântica, no presente e no futuro, conforme projeções dos modelos de distribuição de espécies.

Melhoria da acurácia e das predições a partir da inclusão de preditores ambientais em modelos de nicho ecológico

Aqui, avaliamos até que ponto as variáveis de habitat, combinadas com clima e salinidade, podem aumentar o desempenho de modelos de nicho ecológico (ENMs) para espécies costeiras. Nós hipotetizamos que modelos calibrados com variáveis de clima/salinidade e habitat terão maior desempenho em comparação com modelos que incorporam apenas preditores de clima/salinidade ou habitat. Para testar essa hipótese, selecionamos a espécie modelo de peixe *Epinephelus itajara*, devido à sua dependência de diferentes tipos de habitats costeiros. Como *E. itajara* é uma espécie de peixe ameaçada icônica e recifes de corais, costas rochosas e estuários estão entre os habitats marinhos mais impactados, também avaliamos: i) a exposição da distribuição da espécie a estressores antropogênicos (pesca, poluição oceânica e pressão populacional) e ii) o nível de cobertura de proteção sob a atual rede de Áreas Marinhas Protegidas. Nossos resultados sugerem que os preditores de habitat em combinação com o clima têm uma forte influência na precisão e nas previsões de adequação dos ENMs. O modelo que combinou preditores de clima/salinidade e habitat para diferentes habitats (EnvHabs) apresentou o melhor desempenho de acordo com todas as métricas analisadas (Sensibilidade, Especificidade, TSS e Índice de Boyce) (Tabela 3.3.3). Além disso, modelos que incluem variáveis de habitat (EnvHabs e HabOnly) parecem ser mais capazes de prever os padrões biogeográficos com mais detalhes e a distribuição histórica das espécies (Fig. 3.3.38). Também destacamos a necessidade de escolher cuidadosamente os preditores para calibrar os modelos e sugerimos que a adição de variáveis não climáticas aos ENMs, particularmente preditores de habitat, deve ser priorizada. Além disso, nossos resultados sobre a exposição a estressores antropogênicos para áreas adequadas previstas pelos dois melhores modelos (EnvHabs e HabOnly) revelaram uma situação preocupante para *E. itajara*. A área de distribuição da espécie está sob grande exposição, onde a maior parte da extensão da área adequada (>95%) enfrenta algum tipo de pressão humana, com valores semelhantes de impacto para todos os estressores antropogênicos analisados (pesca artesanal; pesca demersal, não destrutiva, de baixa captura acidental; poluição oceânica e pressão populacional). (Artigo em preparação: Minsky, E.M.C., Figueiredo, M.S.L., Lorini, M.L. (2025) Adding habitat predictors to ecological niche models: an approach to improve model accuracy and suitability predictions).

Tabela 3.3.3. Avaliação dos modelos de nicho ecológico para a espécie Epinephelus itajara.

Modelo	Sensitividade	Especificidade	TSS
EnvHabs	0.904 ± 0.11	0.836 ± 0.13	0.741 ± 0.15
HabOnly	0.891 ± 0.11	0.818 ± 0.14	0.710 ± 0.13
EnvOnly	0.769 ± 0.20	0.687 ± 0.21	0.456 ± 0.17
EnvSumHabs	0.830 ± 0.19	0.611 ± 0.22	0.44 ± 0.15

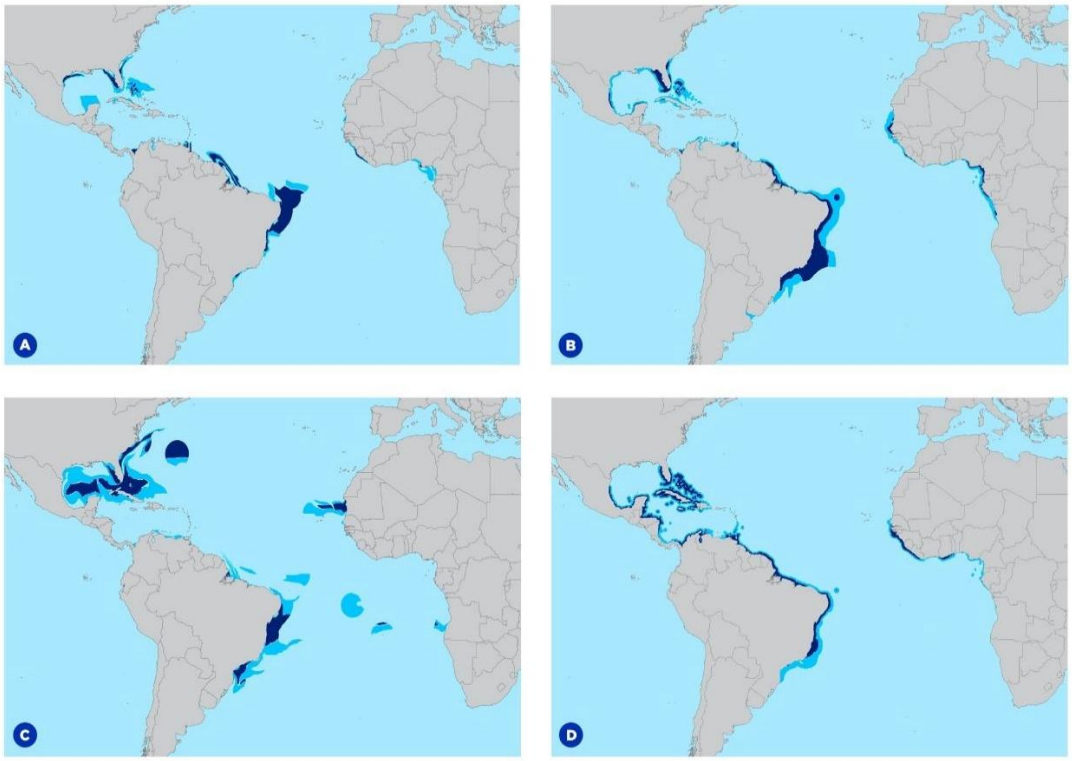


Fig. 3.3.38. Adequabilidade Ambiental para Epinephelus itajara predita pela combinação de modelos: (A) Env+SumHabs, (B) Env+Habs, (C) EnvOnly, (D) HabOnly. Cores azul escuras representam alta adequabilidade, e azuis claras, baixa adequabilidade.

Sumário das Atividades do GT

As atividades do GT abordaram tanto aspectos teóricos quanto metodológicos para explorar o impacto da mudança climática sobre a biodiversidade. Os estudos incluíram desde a análise da dinâmica da distribuição de espécies individualmente quanto ao nível de comunidade, de espécies terrestres e aquáticas, de diversos grupos de animais e plantas e em distintas escalas espaciais. No geral, os resultados são congruentes entre si na observação de que as mudanças climáticas em curso representam uma séria ameaça à biodiversidade. Porém, a resposta das diferentes espécies, tanto individualmente quanto ao nível de comunidade, é variável. Por exemplo, em certas regiões, as mudanças climáticas poderão favorecer a redundância de serviços ecossistêmicos proporcionados pela biodiversidade. Por outro lado, serviços ecossistêmicos de provisão essenciais para a economia local e informal como a pesca, poderão ser fortemente impactados. Nossos resultados também representaram avanços em abordagens metodológicas de modelagem de nicho ecológico, ao mostrar que modelos híbridos possuem maior acurácia em comparação aos modelos correlativos, assim como modelos que incluam aspectos físicos do ambiente para além de variáveis climáticas. Por fim, avançamos no processamento de dados básicos para análises de mudança climática, os quais incluem novos modelos e cenários climáticos, incluindo modelos para os próximos século (2200 e 2300), e dados de mudança no uso e cobertura do solo para o futuro.

3.4. Genética e Genômica Evolutiva

Coordenadores dos projetos do GT (*PIs*): Mariana Pires de Campos Telles (PUC-GO e UFG) e Eduardo Eizirik (PUC-RS).

Conforme definido em 2017, o GT em Genética e Genômica Evolutiva do EECBio foi estruturado nas seguintes linhas de pesquisa: (1) Desenvolvimento de marcadores, genotipagem e novas metodologias em genética e genômica evolutiva; (2) Delimitação taxonômica, evolutiva e identificação de barreiras entre populações e espécies; (3) Ecologia molecular, genética forense e conservação; (4) Conectividade funcional e antropização da paisagem. Além de apoiar alguns projetos associados desenvolvidos pela equipe a partir da infraestrutura do Laboratório de Genética e Biodiversidade (LGBio), o GT desenvolve dois projetos específicos, ligados à genômica evolutiva de populações de onça-pintada (*Panthera onca*) no corredor da bacia do Rio Araguaia, e a genômica do "Pequizeiro" (*Caryocar brasiliense*), uma árvore nativa do Cerrado de bastante importância regional.

*Genômica populacional de onça-pintada (*Panthera onca*), com foco no corredor do rio Araguaia e outras populações remanescentes do bioma Cerrado*

O principal objetivo desse projeto foi gerar dados em escala genômica de populações desta espécie presentes no bioma Cerrado, especialmente em áreas que compõem o corredor do rio Araguaia, e compará-las a outros biomas brasileiros para compreender seus padrões de diversidade e histórico de conectividade em diferentes escalas. Foram utilizadas amostras biológicas coletadas em campo (animais capturados para estudos ecológicos) e *ex-situ* (animais mantidos em zoológicos/criadouros, mas com origem na natureza), e metodologias de última geração para caracterizar simultaneamente milhões de regiões genéticas distintas, através do sequenciamento de genomas parciais ou completos. O objetivo geral era fornecer informações relevantes para compreender a história evolutiva e a conectividade atual destas populações, bem como sua relação demográfica com outros biomas, especialmente Pantanal e Amazônia. Desta forma, o projeto esperava contribuir com informações abrangentes, geradas a partir de metodologias de ponta, para o delineamento e implementação de estratégias eficazes para a conservação desta espécie nestas regiões.

O projeto gerou uma grande quantidade de dados genômicos de onças-pintadas amostradas em diferentes biomas, incluindo o Cerrado. A partir de nosso estudo inicial, reportando o primeiro genoma completo desta espécie (Figueiró et al. 2017),

produzimos diversos recursos genômicos de grande escala para viabilizar análises evolutivas, genéticas e ecológicas aprofundadas com foco na mesma. Inicialmente, geramos dados populacionais empregando métodos de representação genômica reduzida, ou seja, sequenciamento parcial de genomas de vários indivíduos, para avaliar seus níveis de variabilidade genética e diferenciação regional. Um dos estudos realizados empregou a técnica de *Genotyping by Sequencing* (GBS) do tipo *Restriction-Associated DNA sequencing* (RADseq), o que permitiu a identificação e genotipagem de mais de 50 mil polimorfismos de nucleotídeo único (*Single Nucleotide Polymorphisms* – SNPs) ao longo do genoma de múltiplos indivíduos. Isto viabilizou a mensuração da variabilidade genômica presente em diferentes biomas brasileiros, e os níveis de estruturação (diferenciação) entre eles (Fig. 3.4.1). Em paralelo, realizamos outro estudo empregando o sequenciamento de exomas (conjunto completo de regiões codificadoras de proteína), o qual inventariou a variabilidade presente em mais de 19 mil genes e suas regiões genômicas adjacentes, viabilizando a identificação e genotipagem de mais de 115 mil SNPs. A comparação entre os dois métodos, com os mesmos 20 indivíduos, permitiu observar que o sequenciamento de exomas recupera níveis mais altos de variabilidade, mesmo após correção para o número diferente de SNPs avaliados (Fig. 3.4.1). Além disso, pudemos observar que ambos os métodos foram congruentes em identificar que os indivíduos da Amazônia apresentam maior variabilidade genética, seguidos pelo Pantanal, Cerrado, Mata Atlântica e Caatinga. Resultados semelhantes foram observados com um conjunto maior de indivíduos (n=109) genotipados através do sequenciamento de exomas.

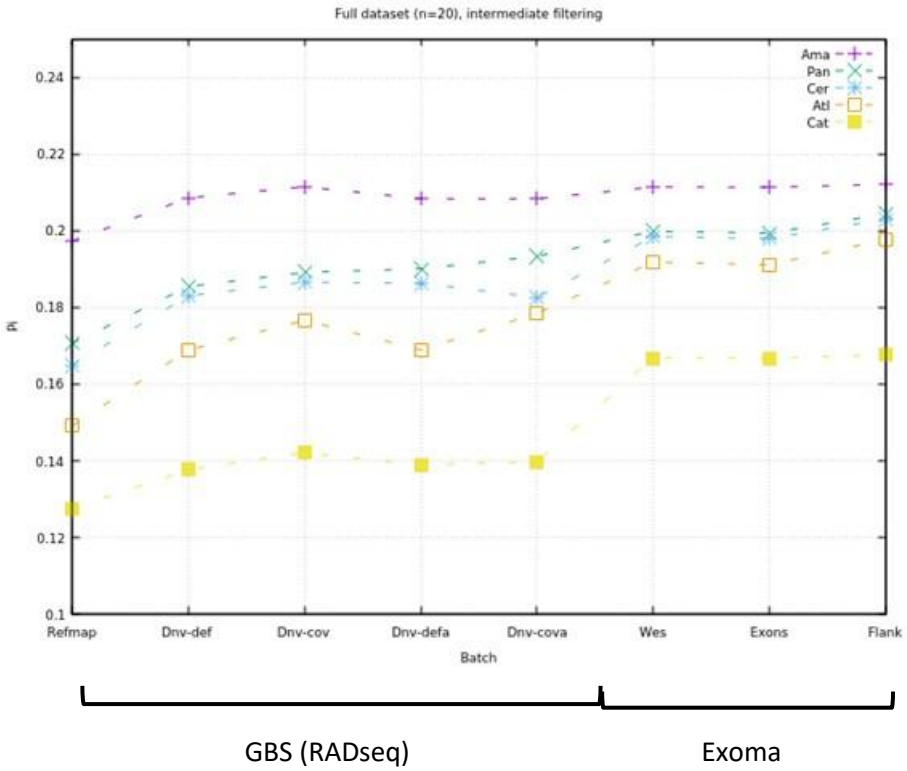


Fig. 3.4.1. Diversidade nucleotídica (Pi) estimada a partir da análise de SNPs ao longo do genoma de 20 indivíduos de onça-pintada amostrados em diferentes biomas brasileiros (Ama: Amazônia, Pan: Pantanal; Cer: Cerrado; Atl: Mata Atlântica; Cat: Caatinga). Os mesmos 20 indivíduos foram analisados com os métodos RADseq e Sequenciamento de Exomas. As cinco primeiras categorias indicam diferentes métodos de filtragem e processamento dos dados de RADseq, enquanto as três últimas indicam três conjuntos dos dados de Exoma (completo, apenas os exons, e apenas os seus flancos não codificadores).

Além desta avaliação da variabilidade presente nos diferentes biomas, analisamos o nível de diferenciação entre estes, com ambos os métodos. Observa-se que a diferenciação entre os biomas, de forma geral, é baixa, indicando que eles mantiveram altos níveis históricos de conectividade, como observado em estudos anteriores de nosso grupo empregando marcadores moleculares tradicionais. O bioma que apresentou maior diferenciação em relação aos demais, com o método RADseq, foi a Caatinga (Fig. 3.4.2), provavelmente devido a um processo antropogênico de isolamento e exacerbação da deriva genética devido ao pequeno tamanho populacional remanescente. Esta observação ressaltou a necessidade de estudos mais aprofundados da população de onças-pintadas da Caatinga, o que está ocorrendo no momento (ver abaixo).

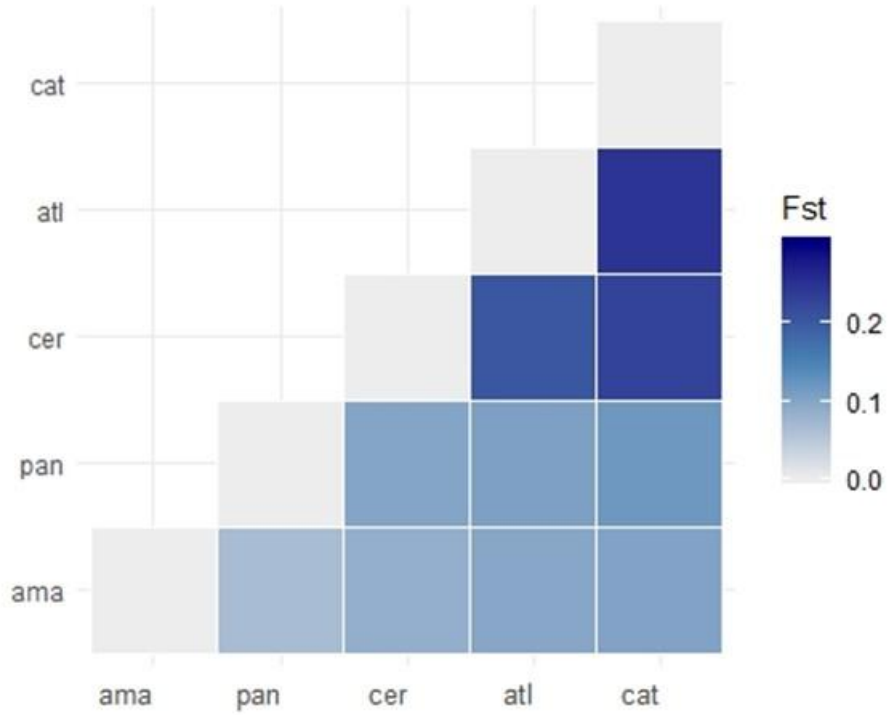


Fig. 3.4.2. Diferenciação genômica (Fst) entre onças pintadas amostradas em diferentes biomas brasileiros (Ama: Amazônia, Pan: Pantanal; Cer: Cerrado; Atl: Mata Atlântica; Cat: Caatinga) estimada através dos dados de RADseq.

Após esta fase de estudos com base em genomas parciais, passamos a utilizar sequências de genomas completos de onça-pintada em nossas análises populacionais. Nesta linha, nosso primeiro estudo (Lorenzana et al. 2022) empregou genomas completos de 13 indivíduos amostrados ao longo da distribuição da espécie (Fig. 3.4.3a). Este conjunto de dados permitiu a identificação e genotipagem de cerca de 9 milhões de SNPs, o que viabilizou a análise aprofundada de padrões genômicos de variabilidade. Análises de componentes principais (Fig. 3.4.3b) e de miscigenação (*Admixture*, Fig. 3.4.3c) indicaram que os maiores níveis de diferenciação ocorrem nas comparações das amostras da América Central (Guatemala) e América do Norte (EUA) com as amostras da América do Sul, o que é esperado tendo em vista a distância entre estas regiões e ausência de amostras intermediárias. Ao mesmo tempo, se observou altos níveis de diferenciação entre amostras de fragmentos de Mata Atlântica (AF048, AF052, AF395) e os demais indivíduos, neste caso sendo atribuídos ao processo antropogênico de exacerbação da deriva genética em pequenas populações isoladas.

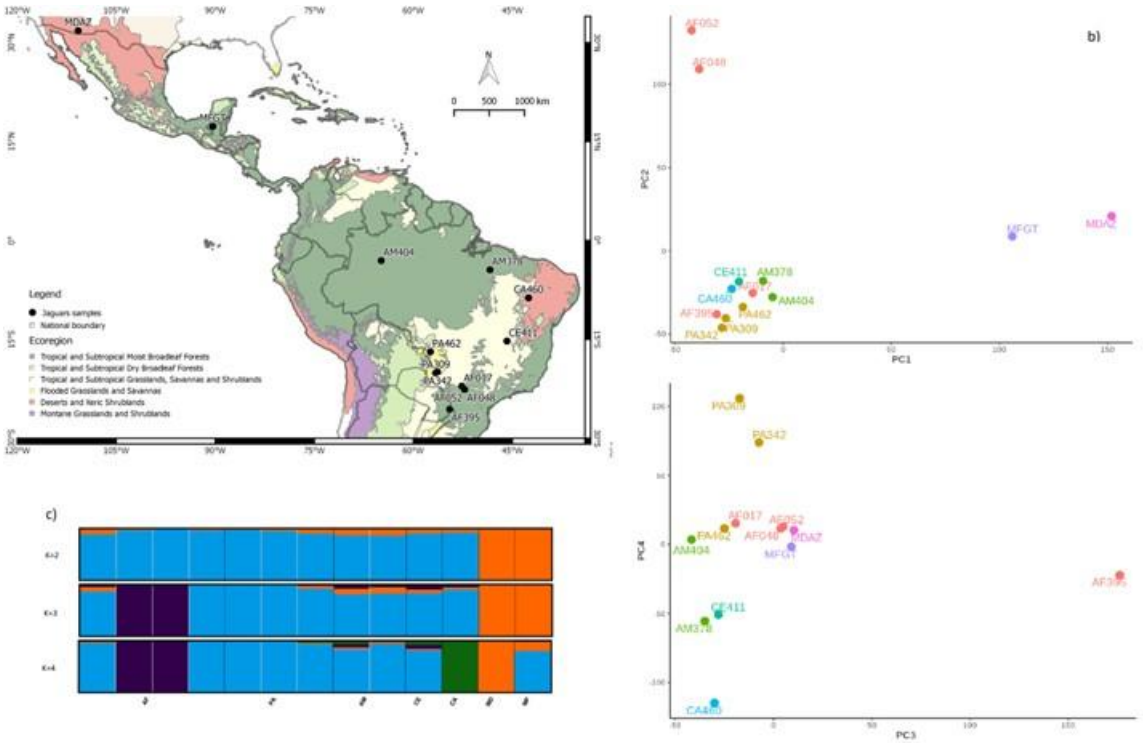


Fig. 3.4.3. a) Localização de origem das amostras de onça-pintada com genoma completo sequenciado até o momento; b) Análise de Componentes Principais (PCA) e c) 'Barplot' de estruturação populacional baseados em uma matriz genotípica filtrada por desequilíbrio de ligação (LD: R^2 = 0.6) contendo 35.413 SNPs de 13 onças-pintadas amostradas em vida livre. As identificações individuais representam o bioma de origem na América do Sul (AF: 'Atlantic Forest' [Mata Atlântica]; PA: Pantanal; AM: Amazônia; CE: Cerrado, e CA: Caatinga), na América Central (MF: 'Mayan Forest', Guatemala) e América do Norte (MD: 'Madrean Woodland', Arizona, EUA). (Fonte: Lorenzana et al. 2022).

Análises de variabilidade genômica (Fig. 3.4.4) evidenciaram padrões congruentes, com dois dos mesmos indivíduos de Mata Atlântica exibindo níveis consideravelmente mais baixos de heterozigosidade. Os indivíduos do extremo norte da distribuição (Guatemala e EUA) também apresentaram níveis mais baixos de heterozigosidade, o que pode ser atribuído ao processo de colonização daquela região, possivelmente envolvendo uma sequência de gargalos populacionais, bem como a processos antropogênicos recentes induzindo declínios demográficos.

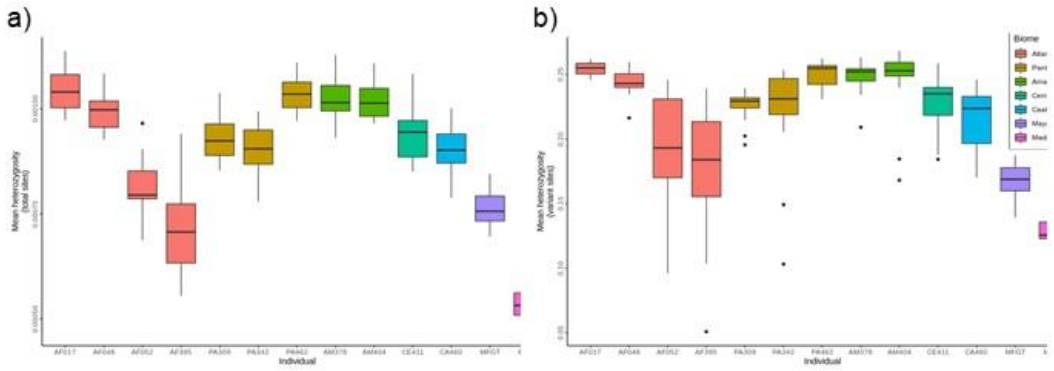


Fig. 3.4.4. a) Heterozigosidade média de onças-pintadas baseada nos sítios totais presentes em janelas não-sobrepostas com 200 kb de comprimento; b) Heterozigosidade média de onças-pintadas baseada apenas nos sítios variáveis identificados ao longo dos genomas. Cada barra representa um indivíduo com genoma completo sequenciado; as cores indicam os seus biomas de origem.

Análises de reconstrução demográfica mais profunda (Fig. 3.4.5) revelaram trajetórias altamente congruentes entre todos os indivíduos no último milhão de anos, o que apoia a interpretação de que a onça-pintada manteve altos níveis de conectividade populacional ao longo de sua distribuição neste período. A única exceção foram os indivíduos do extremo norte (Guatemala e EUA), que evidenciaram um declínio recente mais pronunciado do que os animais da América do Sul, o que corrobora a interpretação de gargalos populacionais inerentes ao processo de colonização daquela porção extrema da distribuição da espécie.

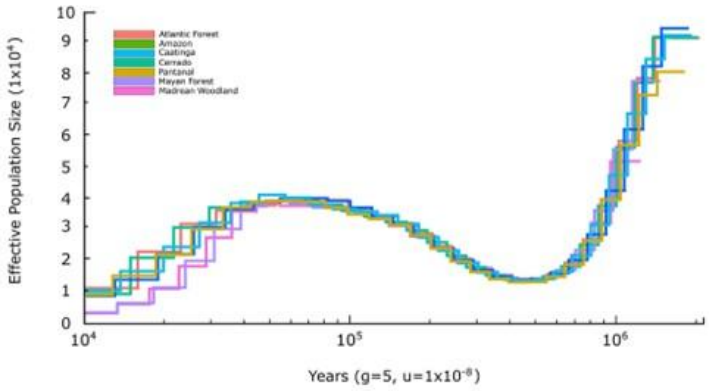


Fig. 3.4.5. Reconstrução de flutuações históricas no tamanho efetivo populacional (N_e) baseada em dados de genomas completos de 13 onças-pintadas utilizando o método *Pairwise Sequential Markovian coalescent* (PSMC). Para maior clareza, apenas um indivíduo por bioma está incluído na figura, tendo em vista que a variação interindividual por bioma foi mínima. O tempo está indicado no eixo X (iniciando em 10 mil anos atrás e seguindo até 1 milhão de anos atrás) e o tamanho efetivo populacional está indicado no eixo Y.

Por fim, caracterizamos naquele estudo a quantidade, tamanho e distribuição de blocos homozigotos (*Runs of Homozygosity* [ROH]) ao longo do genoma destes indivíduos (Fig. 3.4.6), o que possibilitou avaliar processos mais recentes de gargalo populacional e endocruzamento em nível local. Observamos padrões contrastantes da presença de ROH nos genomas analisados (Fig. 3.4.7). Os indivíduos da Guatemala e EUA apresentaram uma proporção maior de seu genoma contido em ROH do que as onças sul-americanas, exceto por dois indivíduos oriundos de fragmentos populacionais de Mata Atlântica, novamente indicando evidências preocupantes de erosão genética (perda de diversidade e aumento de homozigose) devido ao processo antropogênico de fragmentação daquele ambiente. Estas evidências ressaltaram a necessidade de estudos genômicos mais aprofundados das populações remanescentes de Mata Atlântica, bem como de ações urgentes no sentido de reconectá-los através de manejo ativo, o que tem sido discutido com parceiros de diferentes instituições de pesquisa e do ICMBio desde a obtenção destes resultados.

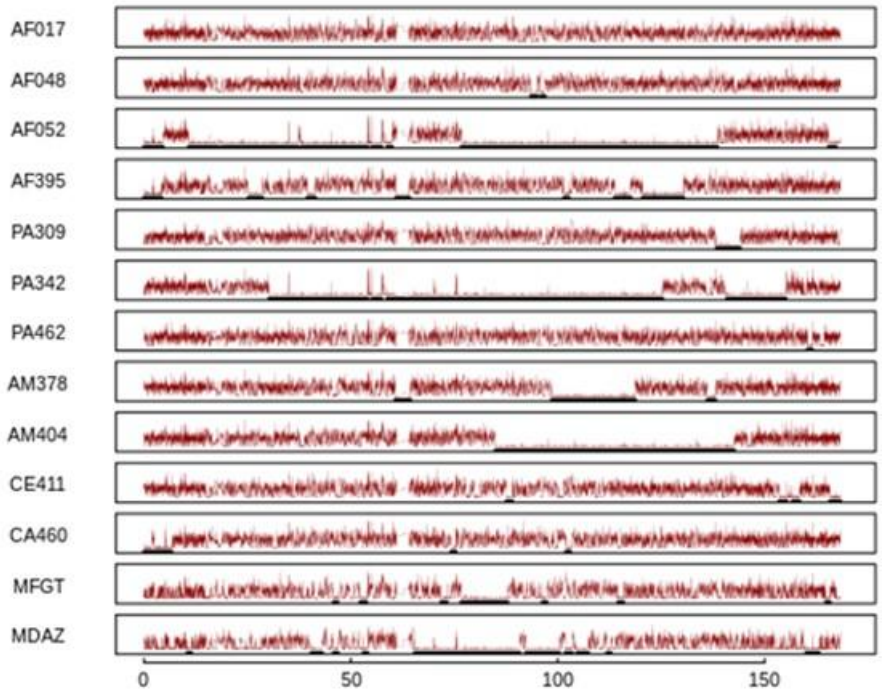


Fig. 3.4.6. Exemplo de distribuição de heterozigosidade em um cromossomo completo de 13 indivíduos de onça-pintada (ver Figura 3 para identificação dos indivíduos). Regiões desprovidas de variabilidade genética (blocos homozigotos (Runs of Homozygosity [ROH]) são indicados por barras escuras horizontais ao longo do eixo X. E escala do eixo X indica a posição cromossômica em Mb.

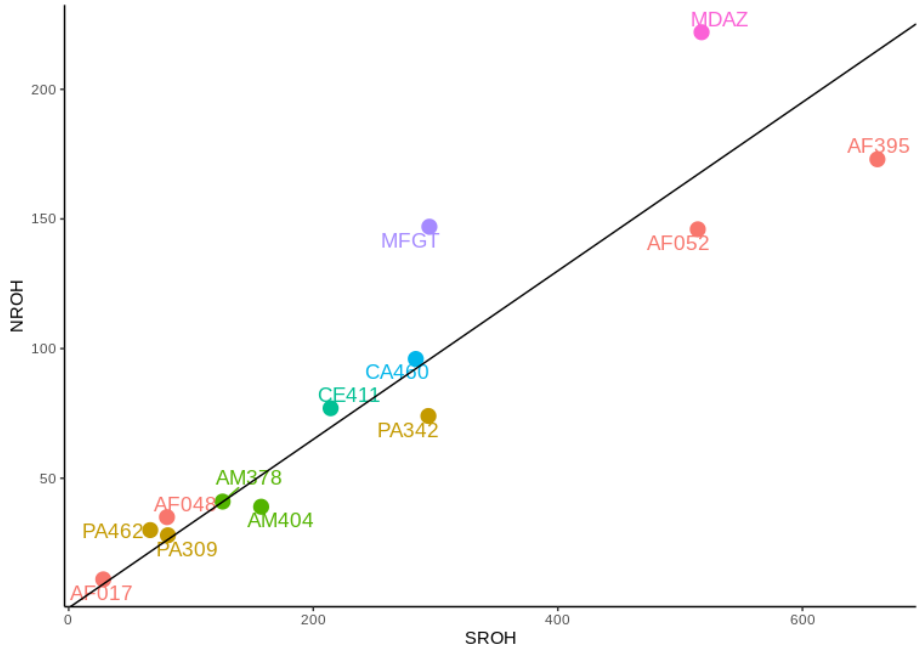


Fig. 3.4.7. Número total de blocos homozigotos (N_{ROH}) comparado à soma total de comprimento de ROH (S_{ROH}) nos genomas de 13 onças-pintadas amostradas em diferentes biomas (ver Figura 3 para identificação das amostras). Populações menores, isoladas ou que sofreram processos atuais e/ou históricos de gargalo populacional e/ou endocruzamento evidenciam uma maior quantidade e tamanho de blocos homozigotos.

Os passos seguintes no estudo de genomas completos de onças-pintadas envolveram uma expansão da amostragem de indivíduos, tendo por objetivo representar de forma mais completa os biomas brasileiros. Utilizando recursos do INCT e de outros projetos de pesquisa, obtivemos até o momento sequências de genomas completos de 61 indivíduos, dos quais 59 são do Brasil (os outros dois são da Guatemala e dos EUA, já mencionados acima, tendo sido reportados no artigo de Lorenzana et al. [2022]). Após exclusão de um indivíduo cuja cobertura de sequenciamento foi mais baixa, estamos focando nossas análises atuais nos 58 genomas remanescentes do Brasil, os quais representam todos os biomas do país em que espécie ainda ocorre (Fig. 3.4.8). A análise destes 58 genomas permitiu a identificação de 13.373.949 SNPs (*single nucleotide polymorphisms* [polimorfismos de nucleotídeo único]), provendo uma grande quantidade de informação sobre as populações brasileiras desta espécie. Após várias rodadas de filtragens do SNPs com foco em qualidade de leitura e de mapeamento, obteve-se um conjunto de 3.055.505 de alta e confiabilidade, os quais foram usados para diversas análises com foco em estimativas de diversidade genômica.

Estas análises revelaram padrões muito interessantes de diversidade, os quais variaram entre os biomas investigados. De forma geral, os níveis mais altos foram encontrados na Amazônia, e os níveis mais baixos em indivíduos da Mata Atlântica. Uma análise particularmente informativa é a estimativa de blocos homozigotos (*Runs of Homozygosity*, RoH) nos genomas, a partir dos quais se pode obter uma inferência do coeficiente de endocruzamento (F) de cada indivíduo (Fig.3.4.9). Um resultado bastante relevante foi a identificação de vários indivíduos com valores bastante altos deste coeficiente, indicando um histórico recente de endocruzamento (endogamia) levando a altos níveis de homozigose em seus genomas. Todos os indivíduos com os maiores coeficientes foram amostrados em populações pequenas e isoladas da Mata Atlântica, corroborando e estendendo inferências anteriores (baseadas em marcadores tradicionais) de que estas populações já estão sofrendo efeitos deletérios da fragmentação antropogênica dos seus habitats.

A seguir, realizamos uma nova filtragem dos dados a fim de remover marcadores em desequilíbrio de ligação (por estarem fisicamente próximos no genoma), consolidando um conjunto de 151.497 SNPs de alta qualidade e confiabilidade, e que podem ser considerados independentes entre si. Com base neste conjunto, realizamos várias outras análises com foco na caracterização da diferenciação e conectividade entre biomas. Uma análise baseada no índice de fixação Fst revelou uma baixa estruturação genética entre as populações de onça-pintada de diferentes biomas brasileiros (Fig. 3.4.10), corroborando a inferência de alta conectividade histórica entre estas regiões para esta espécie. Observou-se o valor mais alto de Fst entre os biomas Pantanal e Caatinga, o que provavelmente se deve tanto à distância entre essas áreas quanto ao efeito da deriva genética sobre algumas populações isoladas da Caatinga. No outro extremo, observou-se os menores valores entre o Cerrado e a Amazônia, evidenciando alta conectividade genética entre estes biomas adjacentes.

Este conjunto de dados foi também utilizado em uma análise de componentes principais (PCA), a qual revelou vários padrões interessantes (Fig. 3.4.11). Observamos que a maioria dos indivíduos formaram um ‘cluster’ coeso, no qual se pode distinguir subgrupos representativos dos diferentes biomas. Em contraste, observamos indivíduos ‘outliers’, distantes do ‘cluster’ principal, todos eles tendo sido amostrados em pequenas populações isoladas, principalmente da Mata Atlântica. Esta é mais uma forte evidência da ocorrência de intensa deriva genética nestas pequenas populações, levando suas frequências alélicas a divergirem rapidamente, o que acarreta essa forte diferenciação. Uma outra observação interessante foi a posição do Cerrado como um ‘cluster’ intermediário entre os demais biomas, evidenciando sobreposição com a Amazônia,

mas também proximidade com a Caatinga e a Mata Atlântica. Isto evidencia o papel relevante deste bioma como conector genético das populações de onça-pintada entre estes vários biomas, um padrão histórico cuja manutenção deve ser mantida através de esforços de conservação. Especificamente, os indivíduos amostrados na região do Corredor do Araguaia, alvo principal deste projeto, se mostraram parte desse processo histórico de conectividade dentro e entre biomas, evidenciando a relevância da manutenção deste e de outros corredores no âmbito do bioma Cerrado.

De forma geral, os objetivos propostos no projeto inicial foram atingidos e superados, pois a previsão inicial era de se analisar indivíduos de onça-pintada através do sequenciamento de exomas, o que amostra cerca de 1% do genoma. Através de melhorias metodológicas e captação de recursos adicionais, foi possível trabalhar de forma muito mais avançada com o uso de genomas completos. Os resultados obtidos revelaram um panorama detalhado dos níveis de diversidade genômica presentes em cada bioma, bem como dos padrões de conectividade entre populações atuais. Observamos níveis reduzidos de diversidade e acentuação da diferenciação de populações pequenas e fragmentadas, o que reforça o embasamento genômico para estratégias de reconexão entre essas áreas, as quais já estão em discussão com colegas do ICMBio. Os dados gerados estão também sendo utilizados para a construção de um painel de SNPs para genotipagem rápida, a baixo custo, para uso em análises forenses (p.ex. identificação de materiais apreendidos do tráfico de partes animais) e de monitoramento em campo (p.ex. através de amostras não-invasivas, como fezes). Com isto, será possível alavancar tanto o monitoramento e fiscalização do tráfico, uma grave ameaça atual à onça-pintada, como viabilizar o monitoramento e o manejo de populações locais dessa espécie, através de identificação individual (o que é relevante para realizar censos e estudos de dinâmica espacial), análises de parentesco e sexagem molecular. Desta forma, os dados gerados neste projeto constituem um exemplo relevante do uso de sequências genômicas para embasar estratégias de conservação de uma espécie ameaçada.

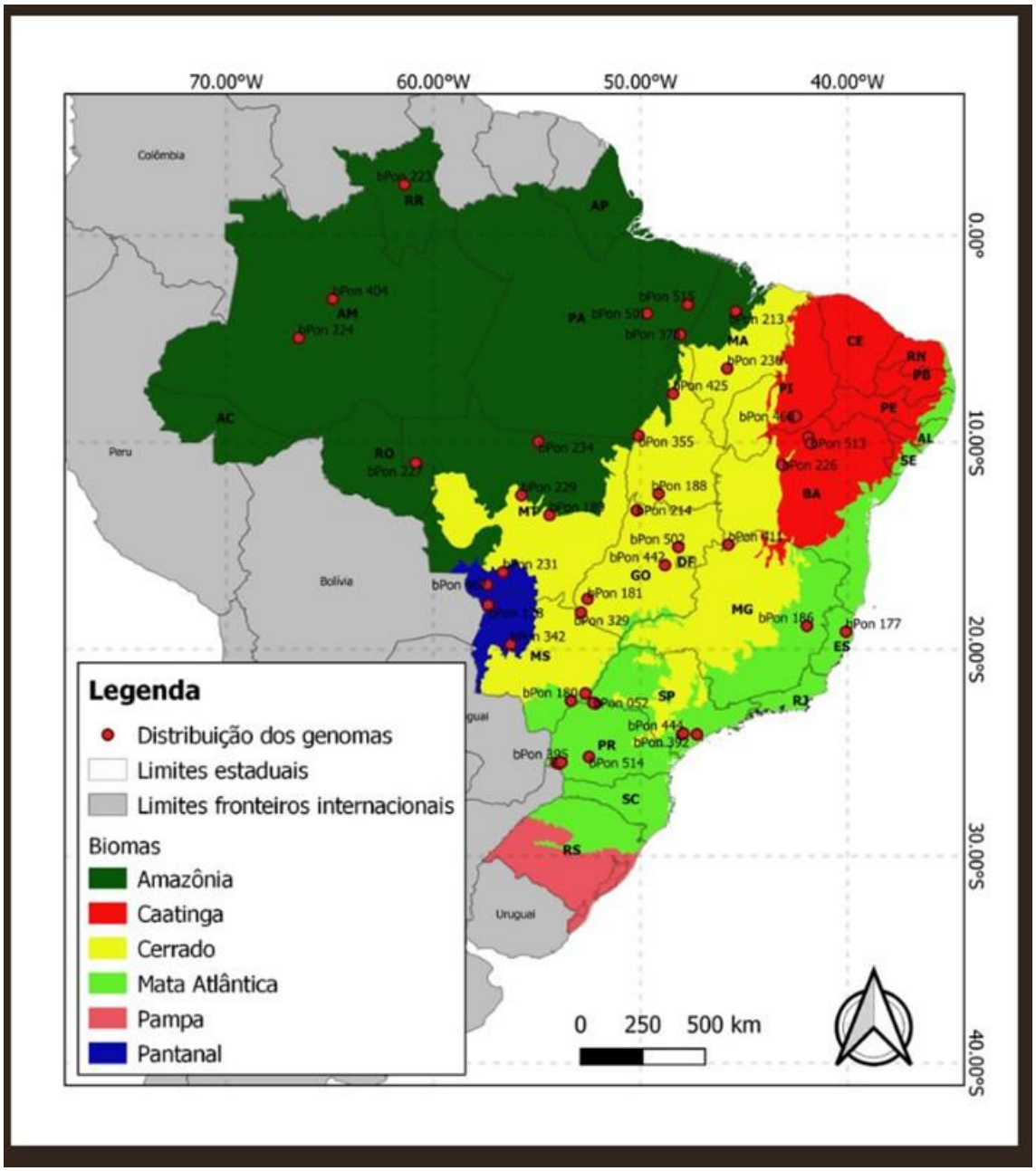


Fig. 3.4.8. Localizações de origem dos 58 indivíduos de onça-pintada cujos genomas completos foram sequenciados, e que são alvo das análises aqui reportadas. Os biomas brasileiros nos quais as amostras se inserem se encontram na legenda interna.

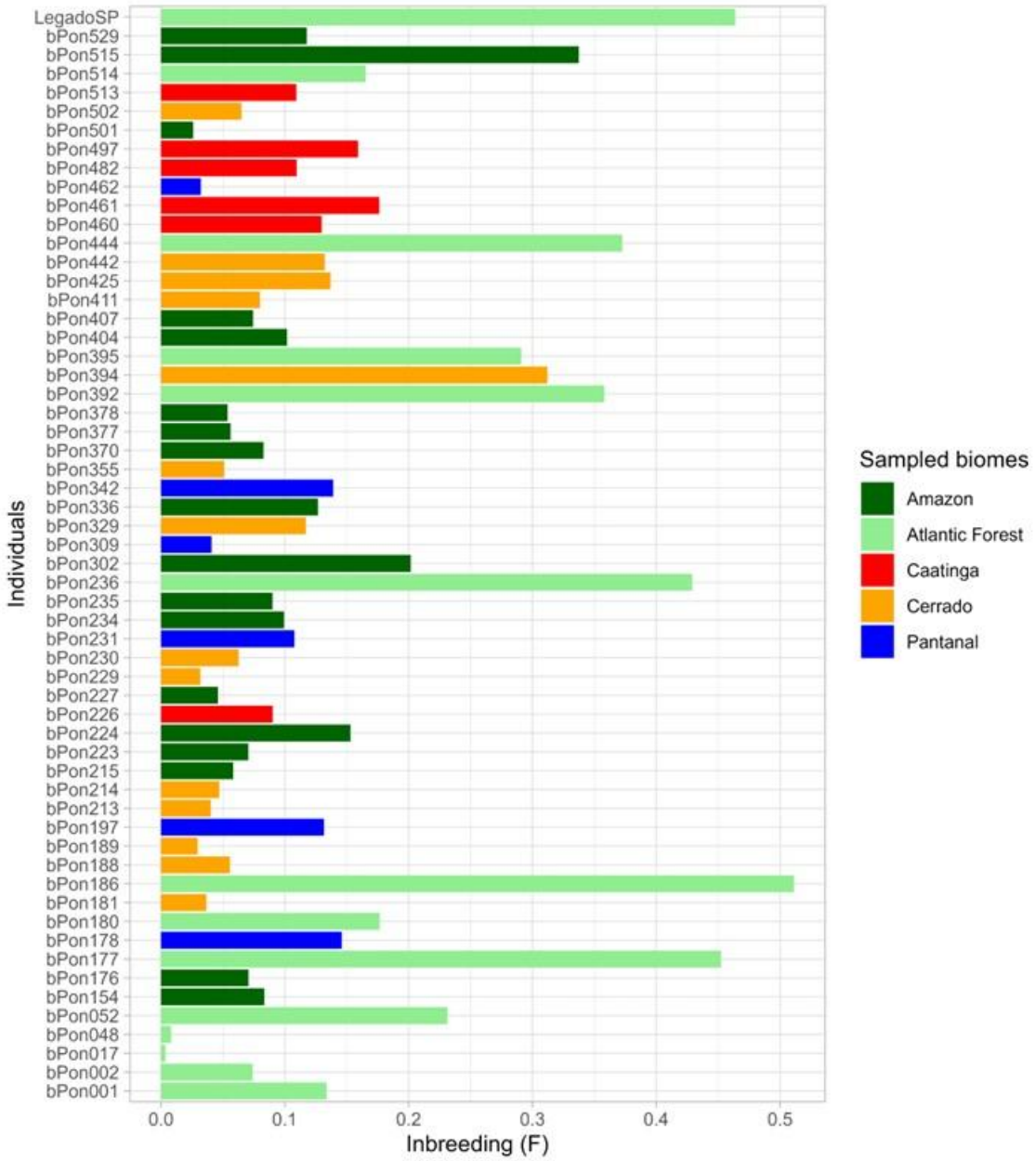


Fig. 3.4.9. Estimativa do coeficiente de endocruzamento (F) de indivíduos de onça-pintada amostrados em diferentes biomas brasileiros (identificados por cores – ver legenda interna), a partir de dados de genomas completos. A análise foi realizada através da avaliação de blocos genômicos homozigotos em 3.055.505 SNPs.

Fst (58 amostras; 151.497 SNPs)					
Fst (médio)	Amazônia	Mata Atlântica	Pantanal	Cerrado	Caatinga
Amazônia	0				
Mata Atlântica	0,034909	0			
Pantanal	0,021855	0,028469	0		
Cerrado	0,009442	0,025554	0,022552	0	
Caatinga	0,034031	0,039842	0,051282	0,023308	0

Fig. 3.4.10. Quadro representando uma matriz de diferenciação genômica entre populações de onça-pintada presentes em diferentes biomas brasileiros, estimada pelo índice de fixação Fst. A análise é baseada em um subconjunto de 151.497 SNPs de alta confiabilidade que não apresentam desequilíbrio de ligação entre si (sendo, portanto, considerados independentes). Os valores mais baixo (Cerrado vs. Amazônia) e mais alto (Pantanal vs. Caatinga) estão ressaltados em fundo amarelo.

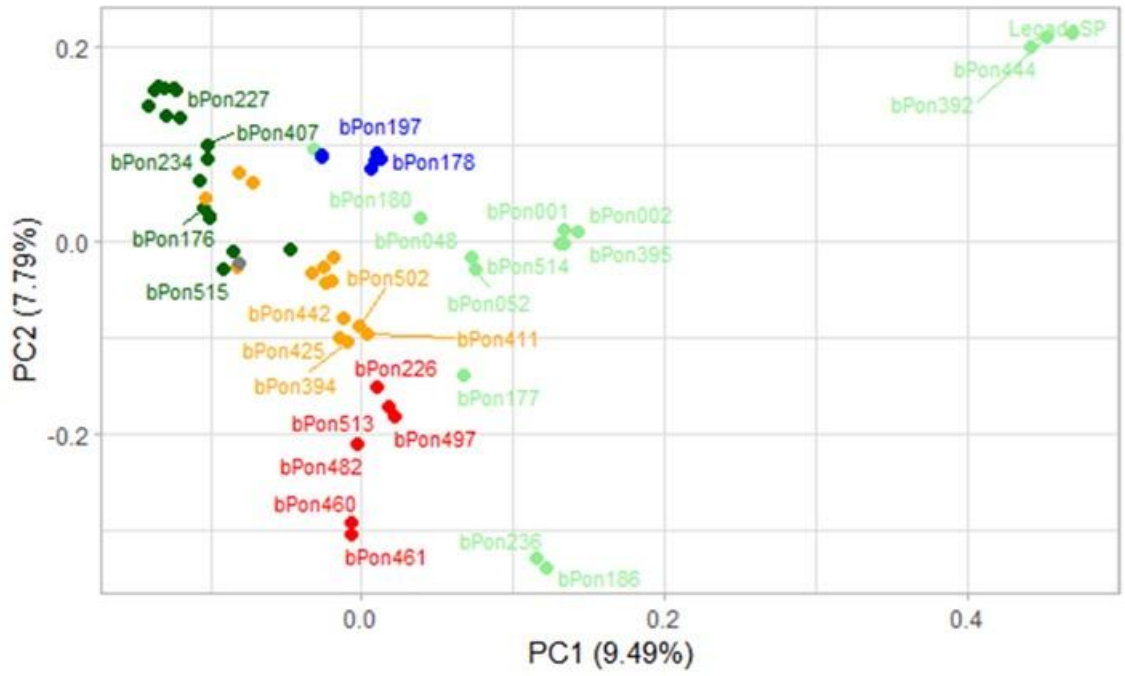


Fig. 3.4.11. Análise de componentes principais com base em genótipos de 151.497 SNPs de alta confiabilidade que não apresentam desequilíbrio de ligação entre si (sendo, portanto, considerados independentes). Cada círculo representa um indivíduo cujo genoma foi sequenciado. As cores indicam os seus biomas de origem: verde-escuro: Amazônia, verde-claro: Mata Atlântica; laranja: Cerrado; azul: Pantanal; vermelho: Caatinga.

A partir de 2023, retomou-se a parceria com o Instituto Onça-Pintada (IOP), especialmente no contexto do “corredor da Onça”, ao longo do Rio Araguaia (ver seção 3). Nesse sentido, foram obtidas amostras do plantel de Panthera onca do IOP a fim de realizadas análises genéticas a partir da genotipagem de microsatelites, uma parceria entre o LGBIo e o grupo do Dr. Eduardo Eizirik (Tabela 4). Estes marcadores foram desenhados a partir do genoma depositado no NCBI (GenBank GCA_028533385.1), sendo que foram prospectados 21 primers para amplificação de regiões específicas por cromossoma, ampliacados com sucesso (figura abaixo). Análises iniciais já estão sendo aplicadas para manejo da população do plantel, incluindo guiar acasalamentos e subsidiar o intercâmbio com outros plantéis.

Tabela 3.4.0. Marcadores nucleares microsatellites para *Panthera onca* com objetivo de estudos em genética de populações.

Multiplex	Region	Contig	Forward	Reverse	Motif	n repet	Tm(C)	Pr siz
A	Chr1*	NC_083295.1_1118154	AGATGGATGGATGGGCAATAGA	CCATCCATCCAGCCATCCAT	AGAT	12	54.15	192
A	Chr4	NC_083298.1_81735312	CCTTGGTGTCAGTGGTGGTT	TGTGTGCCTAGGTGAAAGCC	AGGAG	13	56.58	23
A	Chr6	NC_083300.1_78213481	TTCCTTCCTCCATCCCTCCC	CACAGCAGATGGAGACTCGG	TTCC	12	57.04	17
A	Chr8	NC_083302.1_19931541	GCACTTGGAATGCATGGTCC	CACATTATGGCTGGGCTGGA	TATC	12	56.07	24
A	Chr10	NC_083304.1_17819380	TGCTTCAGGCCATATTCCAGG	TGTTCACTGCTTTGTGCTGC	TCCT	12	56.24	24
A	Chr12	NC_083306.1_122053294	CGGTGCTAGCTGATGGTAGG	TCCTCTCTTCCTCCTGTGGG	GAAG	12	56.89	22
A	Chr15	NC_083309.1_74972380	CCTCCTCCACAAACATGCCT	CACTGTCGTCTGAGGCTTCA	AGAT	12	56.48	18
B	Chr2	NC_083296.1_30762220	AACCAGCACACCCTTGTTCA	ATGCTGCTGGGTCAAGTTTG	CCTT	12	54.75	24
B	Chr3	NC_083297.1_133977104	CCAAGGCTGTTAGGAGGAGC	AGGAGCTCTGTGATGTTGCC	TTCC	12	56.42	24
B	Chr7	NC_083301.1_16890745	AAACTCATTGCCTGGGAGGG	TGCCTACAGCTGAAGCATCC	AGGA	12	56.47	25
B	Chr9	NC_083303.1_6463678	AGAAGTAGGGAGGCAGGGAG	TCTTCATGGCCTGGTCCCTA	AGGA	12	56.74	22
B	Chr14	NC_083308.1_41302950	AAACAAGTGGCAGGTGGGAA	AACCAGCTTTGCCTCTTGGT	AAGG	12	55.94	23
B	Y	Pon_sry_best	CGCAAAACTCAGAGATCAGCA	GTAGGGGAAGGCGTACAACC	NA		54.1	24
B	Mitochodrial	Pon_coi_best	AGTCTCTTAATCCGAGCTGAGC	TGCGAGCAAAAGTAAGAAAGATGG	NA		54.3	24
C	Chr5	NC_083299.1_9193666	CGGGTCCTCTTGGGTTCTTC	AAGAAGGAAGGCAGGAAGGC	TTCC	12	56.49	12
C	Chr11	NC_083305.1_163124368	TCCGCTGCAATCTGTGATGT	AGCGGTCAGAGCAACTCTTC	CTTC	12	55.69	24
C	Chr13	NC_083307.1_12493133	CTGACTTGATCCCAGCCCTG	ATTGAGTTGGGCGCTGAGAA	CCATC	12	55.69	23
C	Chr16	NC_083310.1_64498989	CTTCTGCCTTGCTCCCTCTC	GCATCTAGGACGTTGCCTGA	TTCC	12	56.11	15
C	Chr17	NC_083311.1_29925892	GCTCCGGGACAAACAGAGAA	GGGCTTGCCTCTATGTGGTT	TTCC	12	56.3	17
C	Chr18	NC_083312.1_17846111	TCCTTGCAGCCCTTAACCAG	TCGAAACATCTGGCCAACCA	GAAG	13	55.65	23
C	Chr19	NC_083313.1_28254379	GAGTTGCCGAGTTGGAAAGC	TGGAGCTGCAGTCTGACTTG	GGAGA	20	55.85	24

Recursos genômicos de Caryocar brasiliense *(Caryocaraceae): modelo para estudos de adaptação no Cerrado*

Caryocar brasiliense é uma espécie vegetal neotropical nativa do Cerrado brasileiro comumente conhecida como “pequizeiro” e possui uma grande popularidade sendo reconhecida como um dos símbolos da culinária do estado de Goiás. Ainda que *C. brasiliense* se apresente como um importante recurso genético do Cerrado, pouco se sabe sobre as composições genética e genômica dessa espécie. Nesse sentido, o objetivo desse projeto é obter um genoma de referência para *C. brasiliense*, bem como obter recursos genômicos importantes como um transcritoma de referência, sequências de elementos genômicos repetitivos e de microssatélites. Todo esse acúmulo de informação é de extrema importância para o desenvolvimento de trabalhos estratégicos envolvendo ecologia, genética/genômica da conservação e de populações e melhoramento genético com essa espécie.

Até o momento foram gerados os primeiros recursos genômicos em larga escala de *Caryocar brasiliense* (e.g., Nunes et al. 2019). Nesse trabalho foi publicado o primeiro rascunho do genoma nuclear de *C. brasiliense*, além de um conjunto de *primers* para amplificação de regiões microssatélite em multiplex. Foram obtidos dados de sequenciamento em larga escala utilizando a plataforma Illumina Hiseq 2000 gerando leituras de 2 x 100 pb. O rascunho do genoma nuclear está disponível no banco de dados *Genome* do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) sob o número de acesso STGP00000000.1. Já os dados brutos do sequenciamento estão disponíveis no banco de dados SRA do NCBI sob número de acesso SRX5692978.

Para a montagem do rascunho do genoma nuclear de *C. brasiliense* foi utilizado o montador Platanus (PLA*Tform for Assembling NUcleotide Sequences*) v2.0 e obteve-se um total de 55.248 contigs que juntos somam 212,17 Mb, cerca de 45,69% do tamanho estimado do genoma por distribuição de frequência de *k-mers* (464,365,380 bp) (Tabelas 3.4.1 e 3.4.2). A identificação das regiões microssatélites foi feita usando o programa QDD e resultou num conjunto de 30 regiões divididas em cinco conjuntos multiplex. As multiplex variam de cinco a sete SSRs por conjunto e amplificam diferentes tamanhos de fragmento dentro de um mesmo conjunto.

Tabela 3.4.1. Estatísticas de montagem do genoma nuclear de *Caryocar brasiliense* (adaptada de Nunes et al., 2019)

Métrica de montagem	Valores
Número de contigs	55.248
Número de contigs > 1000pb	43,286
Tamanho total	212.172.521
Maior contig	64.707
Menor contig	500
N50	6.005
N75	3.615
L50	10.532
L75	21.784
%GC	34,84

Tabela 3.4.2. Primers para amplificação em multiplex de regiões microssatélites de *Caryocar brasiliense* (adaptada de Nunes et al., 2019)

Multiplex	Primer_ID	SSR_Motif	Primer_Foward_5'-3'	Primer_reverse_5'_3'	Ta	CR_Frag_len
1	Cbr_NGS_SSR1	TATG	gctacttccagtcactagacttgt	cacaactgctaccatgttcgac	62	349
1	Cbr_NGS_SSR2	CATA	acccgccttctccagtgaata	tcctcgagttttacagcggtat	60	164
1	Cbr_NGS_SSR3	CT	ctctctttgcgggatatctcaaga	ccatgacagtccagcccaata	61	224
1	Cbr_NGS_SSR4	CT	actctgccgacagctgaattta	aaaggcaacacagcagatcattaa	60	102
1	Cbr_NGS_SSR5	AG	gtggaaatgcataaactgtatgcct	cgatagctgctcttgccaagt	62	584
1	Cbr_NGS_SSR6	TC	gcttctgcaaaatcataggcaaca	agtggtaattcacgctggtaattta	60	425
1	Cbr_NGS_SSR7	TTC	gccattctcaattttccagtggac	gtgtgtgttgtaaacattcaaggat	60	493
2	Cbr_NGS_SSR8	AGG	aataagatgccattgcggtgtt	tgaccgactctttcttattggaa	60	157
2	Cbr_NGS_SSR9	TC	tacataaattgtcttcagcccatgt	agcctgctcgattaagtgaaca	60	278
2	Cbr_NGS_SSR10	GCA	agagtccttgtgacgaatcagatt	ctcatccgagaacttatgcagc	60	218

2	Cbr_NGS_SSR11	GAT	gccatcagcgaacagttctct	caacaaattacctgctccgagtt	61	372
2	Cbr_NGS_SSR12	TTC	gagttttgatgcttaagccatgac	gccttaccagagtctgcaagt	61	434
2	Cbr_NGS_SSR13	GGT	ccactgacttattcaatttctcgac	ggaccctcaacaggacctatt	60	513
3	Cbr_NGS_SSR14	AG	gaactcttttccctacagatcagaa	catttcaggttgagtagcttgtca	60	270
3	Cbr_NGS_SSR15	GCT	ggacgccatttcacaagattga	ccctgctgtcaacaggattct	61	132
3	Cbr_NGS_SSR16	CTT	aggatgcctttccaaagacgt	ttttacagcaacatttgtgagactc	60	331
3	Cbr_NGS_SSR17	CAA	ttaatgatctggggtcacatcctt	gtgggggcaatggacctaatat	60	195
3	Cbr_NGS_SSR18	GTT	ggagatcagaccaagcattgct	tgcatcattttggcgactacaat	61	495
3	Cbr_NGS_SSR19	TTC	gaggctgcattaagcatggaaa	aagacaaaagagtggatttccac	61	402
4	Cbr_NGS_SSR20	GAA	aaaactggtagaagatgcagtcaa	gattagaatgtgcaaaattggcagt	60	312
4	Cbr_NGS_SSR21	CTT	aacggggtcccatcgtatctt	gacacctgttaagcaagaacatgt	62	251
4	Cbr_NGS_SSR22	CTT	cggtatatggaagcgtacttcac	tctgcactcgcaagtccaata	60	176
4	Cbr_NGS_SSR23	GTT	gcttttgttgtggagccaaattaca	cgcgaaattcctcatgttcaga	60	109
4	Cbr_NGS_SSR24	GTT	gtcattaacctgacaccattgct	tctactgctatgttcggagcatatt	61	392
5	Cbr_NGS_SSR25	GA	tattcaggcgtggcaccaata	tggctcaaaactttgcatactgat	61	258
5	Cbr_NGS_SSR26	GA	ctgcttcagttcggagaccaa	atctacttccaaagacatagtgtgc	61	332
5	Cbr_NGS_SSR27	GA	cgtcaaatcttccaacagctga	catgtttcattgaagggccatcat	60	180
5	Cbr_NGS_SSR28	CT	aggtgatgtgaccttccaagc	agaatggggattcgtgttctagtt	61	447
5	Cbr_NGS_SSR29	GA	ctagcagtgcttcgtcaaaactt	ttattcagtgacccggttatggat	60	111
5	Cbr_NGS_SSR30	TC	gttcagcaaacattctgctaagtc	ttgggaacgtaaagatcaatttcct	60	508

Também foi realizado o sequenciamento do genoma completo do cloroplasto de *C. brasiliense* e nós usamos esses dados para acessar seus recursos genômicos usando os mesmos dados de sequenciamento de alto rendimento (Nunes et al., 2020). O cloroplasto do pequizeiro exibe um comprimento de genoma de 165.793 bp e a estrutura quadripartida de angiosperma típica com duas cópias de uma sequência de repetição invertida (IRa e IRb) de 34.902 bp cada, separando uma região de pequena cópia única (SSC) de 11.852 bp e uma grande cópia única (LSC) região de 84.137 bp. A análise de anotação identificou 136 genes sendo 87 codificadores de proteínas, oito rRNA e 37 genes de tRNA (Fig 3.4.12). Identificamos 49 elementos repetitivos de DNA e 85 microssatélites. Uma análise filogenética bayesiana ajudou a entender relações anteriormente não resolvidas em Malpighiales, colocando Caryocaraceae como um grupo separado na ordem, com nós altamente suportados (Fig. 3.4.13). Este estudo sintetizou informações valiosas para estudos futuros, permitindo um melhor entendimento dos padrões evolutivos de genomas de cloroplasto do grupo estudado e fornecendo recursos para futuros programas de melhoramento.

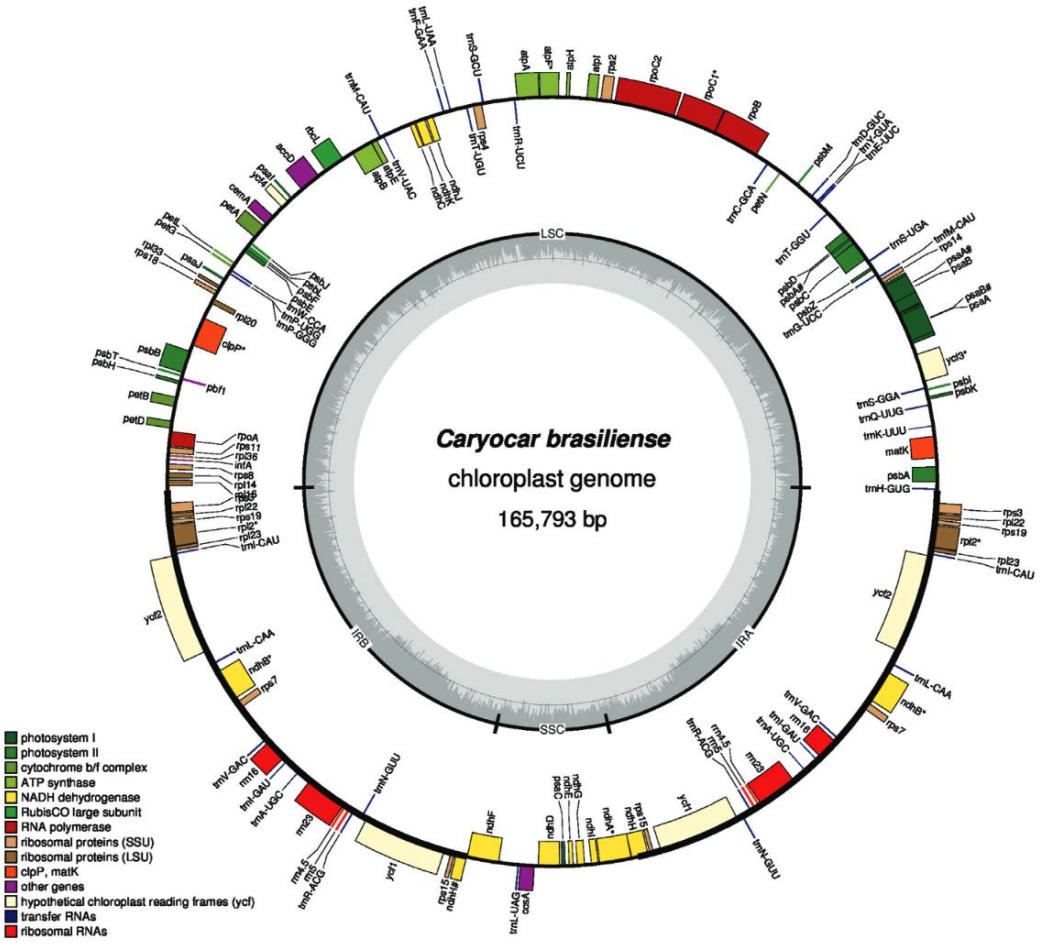


Fig. 3.4.12. Mapa do genoma do cloroplasto de Caryocar brasiliense. Os genes desenhados fora e dentro do círculo são transcritos nas direções horário e anti-horário, respectivamente. Os genes foram coloridos com base em seus grupos funcionais. O círculo interno mostra a estrutura quadripartida do cloroplasto: cópia única pequena (SSC), cópia única grande (LSC) e um par de repetições invertidas (IRa e IRb). O anel cinza marca o conteúdo GC com o círculo interno marcando um limite de 50%. Os genes que possuem íntrons foram marcados com "" e os pseudogenes foram marcados com "#".*

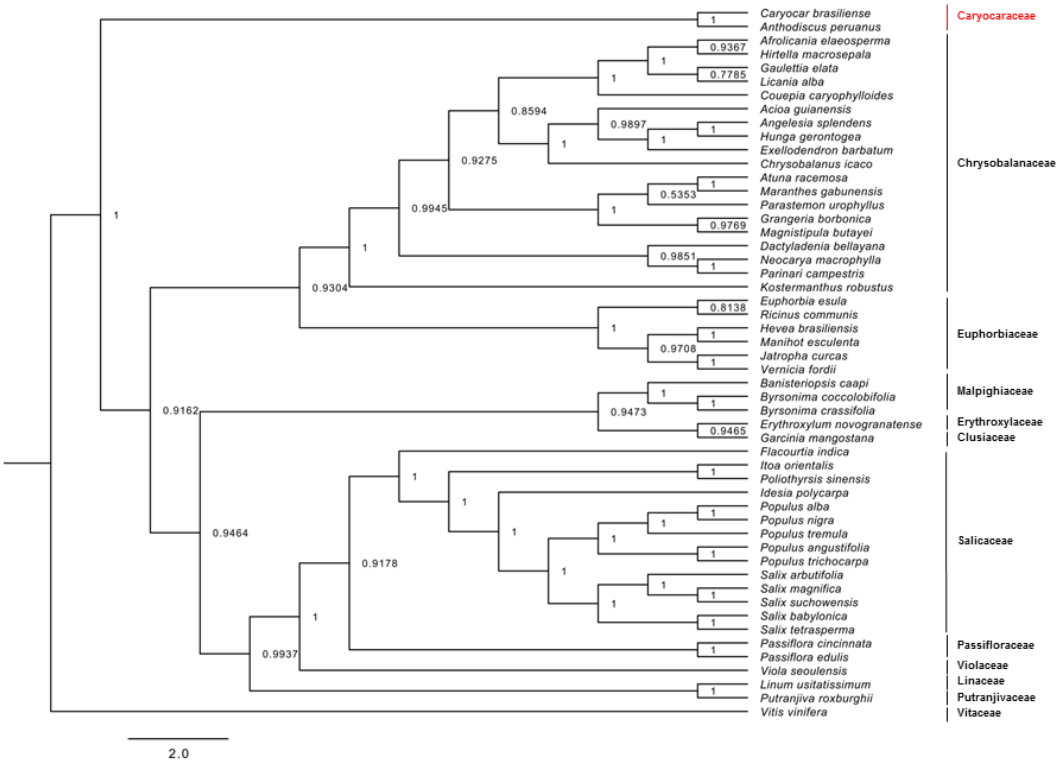


Fig. 3.4.13. Reconstrução de árvore filogenética com 52 táxons usando inferência bayesiana baseada em 76 genes que codificam proteínas cloroplastidiais. Os números representam a probabilidade bayesiana a posteriori dada a cada nó. As barras à direita representam as famílias botânicas das espécies.

Após sequenciar e montar o genoma cloroplastidial e um rascunho do genoma nuclear, já na Fase II do EECBio foram focados esforços para a obtenção de uma montagem do genoma mitocondrial de *Caryocar brasiliense (*Fig. 3.4.14*)*. A montagem do mitogenoma de plantas é um desafio complexo por conta de grandes eventos de rearranjo genômico, sequências repetitivas, eventos de trocas de seguimentos genômicos entre o mitogenoma e os genomas nuclear e cloroplastidial, heteroplasmia, dentre outros fatores. Dessa forma, nós utilizamos o sequenciamento de leituras longas geradas pela plataforma MinIon juntamente com oas leituras curtas da plataforma

Illumina como estratégia híbrida de montagem para superar esse desafio metodológico. Assim, foi possível obter uma montagem do mitogenoma do pequizeiro com um único cromossomo circular de 304.954 pb. Esse genoma é composto por 21 genes codificadores de proteína, 23 RNAs transportadores e 3 RNAs ribossomais. Comparado com outros mitogenomas da ordem Malpiguiales (que possui apenas outras 6 espécies com mitogenoma disponível no GenBank), o genoma mitocondrial do pequizeiro é pequeno e sofreu a perda de alguns genes codificadores de proteína, mas conservou os de tRNA e rRNA.

As amostras de *Caryocar brasiliensis*, no novo ciclo do EECBio, serão analisadas por RAD-Seq em parceria com o CIMMITY no México (ver próxima seção de genômica de populações), a fim de detectar variabilidade intra e interpopulacional por meio de SNPs, que podem ser caracterizados como neutros ou adaptativos e assim utilizados para avaliar diferentes hipóteses de diversificação, bem como avaliar padrões de resposta às mudanças climáticas.

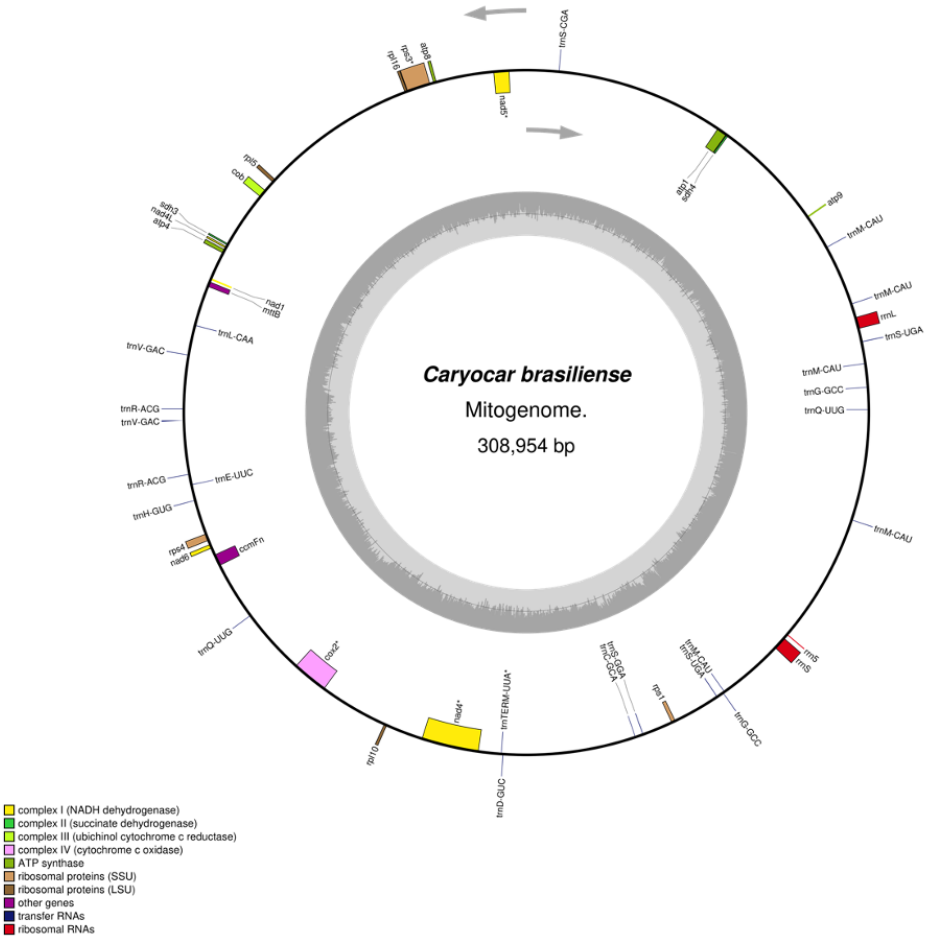


Figura 3.4.13. Mapa do genoma mitocondrial do pequizeiro (Caryocar brasiliense). Os genes desenhados fora e dentro do círculo são transcritos nas direções horário e anti-horário, respectivamente. Os genes foram coloridos com base em seus grupos funcionais. O anel cinza marca o conteúdo GC com o círculo interno marcando um limite de 50%. Os genes que possuem íntrons foram marcados com "".*

Grupo de Trabalho e Workshop em "Genômica de Populações"

Na Genômica de Populações, a diversidade de métodos de genotipagem de SNPs gera desafios na escolha da técnica mais adequada para cada espécie e questão biológica, especialmente quando se trata de espécies não modelo, para as quais as sequências de referência dos genomas de interesse frequentemente não estão disponíveis. Nos países do sul global, essa dificuldade é agravada pela coexistência de uma rica biodiversidade com limitações tecnológicas e de recursos, que dificulta a aplicação dessas tecnologias no contexto local. Para discutir este tema, os pesquisadores do GT em Genética e Genômica do INCT em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (EECBio) orgnizaram um workshop intitulado "Genômica de Populações para Espécies Não-Modelo: Métodos, Desafios e Avanços no Contexto Latino-Americano". O objetivo principal foi promover a troca de experiências entre pesquisadores, contribuindo para o desenvolvimento do grupo em métodos de análise genômica para populações de espécies não modelo no contexto latino-americano. Além disso, os objetivos específicos foram:

- Comparar as principais técnicas de genotipagem de SNPs quanto à viabilidade técnica e financeira para estudos com espécies não modelo;
- Avaliar a qualidade dos dados gerados e os recursos computacionais exigidos por cada técnica, visando definir boas práticas de análises;
- Produzir um artigo científico sobre o tema, consolidando os avanços discutidos no workshop.

O workshop ocorreu entre os dias 11 e 13 de fevereiro de 2025, na sala de reuniões do IEECBio, UFG, Goiânia, Goiás. No total, participaram quatorze pesquisadores(as), sendo dois do CIMMYT (International Maize and Wheat Improvement Center, México), uma do Instituto Tecnológico Vale (Belém-PA), um da Embrapa (Brasília-DF), um da UEG (Iporá-GO), um da UFRN (Natal, RN) e nove da UFG (Figura 3.4.13). A professora Thannya Nascimento Soares coordenou a elaboração da programação, de modo que todos os convidados tivessem alguma

participação efetiva, tanto pela apresentação de pequenas palestras ou na moderação da discussão, para que todos se sentissem incluídos.



Figura 3.4.13. Participantes do Workshop “Genômica de Populações para Espécies Não-Modelo: Métodos, Desafios e Avanços no Contexto Latino-Americano”, realizado pelo INCT EECBio de 11 a 13 de fevereiro de 2025 na UFG, Goiânia-GO.

As três estratégias de genotipagem de SNPs discutidas incluíram duas baseadas em abordagens com redução de complexidade do genoma, sendo a ddRADseq (Double Digest Restriction-Site Associated DNA sequencing) e a DarTseq (Diversity Arrays Technology combined to next generation sequencing,), e uma sem redução de complexidade, a lcWGS (low-coverage Whole Genome Sequencing). As três estratégias apresentam vantagens e desvantagens, dependendo do objetivo do estudo. Porém, as estratégias ddRADseq e DarTseq são interessantes para estudos com espécies não modelo, porque não há a necessidade de se ter um genoma de referência para realizar a genotipagem dos SNPs. Considerando os custo-benefício dessas duas estratégias, o DarTseq parece ser a melhor opção para os estudos de diversidade genética de espécies não modelo. Por outro lado, quando se dispõe de um genoma de referência, é

interessante aplicar a estratégia lcWGS, por ser uma técnica é relativamente fácil de ser implementada nos laboratórios e permite a realização de vários tipos de estudos. Vale ressaltar, no entanto, que a “baixa cobertura” precisa ser mais bem discutida para assegurar a reprodutibilidade da genotipagem dos SNPs.

Quanto aos procedimentos para a filtragem e genotipagem de SNPs, cada estratégia de genotipagem apresenta suas especificidades. No DarTseq o usuário não realiza essas etapas, porque recebe uma planilha com os SNPs que são filtrados e genotipados dentro do pacote de serviços da empresa (https://www.diversityarrays.com/services/dartreseq/). Para o ddRADseq os pipelines mais utilizados são o PyRAD e o Staks, enquanto para o lcWGS o pipeline usualmente aplicado é o GATK. Durante as discussões ficou claro que apesar de haver padrões gerais de orientações de boas práticas para cada pipeline, é muito importante saber as melhores escolhas para cada tipo de estudo. Para tanto, foi sugerido utilizar o artigo de Hemstrom et al. (2024) como um guia de boas práticas para os estudantes. O grupo sugeriu, inclusive, a criação de uma disciplina de “Genômica de Populações”, a ser ofertada em diferentes programas de pós-graduação, pelos docentes participantes do workshop.

Em relação ao artigo de revisão, o grupo definiu que será realizada uma revisão sistemática sobre os artigos de genômica de populações realizados por pesquisadores latino-americanos, com o objetivo de responder às seguintes questões:

1. Quando iniciaram os estudos de genômica de populações na América Latina? Essa data é próxima à do início dos estudos no norte global?
2. Quais estratégias de genotipagem estão sendo utilizadas?
3. Qual é a proporção de artigos que utilizam serviços de terceiros e quais realizam a genotipagem no próprio país?
4. Quais grupos de organismos são estudados?
5. Qual é o número de SNPs?
6. Quantas populações e quantos indivíduos por população são utilizados?

Esses dados já começaram a ser compilados nas bases bibliométricas (WoS e SCOPUS) e sua análise será continuada no contexto do ciclo II do EECBio.

Finalmente, em uma atividade extra à programação do workshop, as Profas. Thannya, Mariana e o Prof. Lázaro levaram o Dr. César Petroli para conhecer as coleções de germoplasma de fruteiras nativas do Cerrado da Escola de Agronomia da

UFG (Figura 3.4.14). Essa atividade foi importante uma vez que a proposta de continuidade com o ciclo II do EECBio tem como um dos objetivos principais avaliar a influência das mudanças climáticas na diversidade genética das espécies de plantas da sociobiodiversidade brasileira, dentre as quais o baru, a cagaita, o jatobá serão possivelmente alvos de estudos de genômica de populações, a serem realizados no Genetic Analysis Service for Agriculture (SAGA), do CIMMYT no México.



Figura 3.4.14. Visita às coleções de germoplasma de espécies fruteiras nativas do Cerrado, da Escola de Agronomia da UFG. Na foto, da esquerda para a direita estão: o Dr. Lázaro José Chaves, a Dra. Mariana Pires de Campos Telles e o Dr. César Daniel Petroli.

Assim, o workshop foi um sucesso, considerando que todos os objetivos propostos foram plenamente alcançados, com discussões foram muito produtivas e enriquecedoras. Com certeza a sua realização contribuiu muito para o avanço no conhecimento da área de genômica de populações por parte dos pesquisadores do GT em Genética e Genômica e será importante para o alcance das metas do ciclo II do EECBio.

Diversidade filogenética da comunidade de microeucariotos planctônicos da planície de inundação do rio Araguaia por DNA metabarcode

As análises de metabarcode de DNA ambiental (eDNA) são uma tecnologia relativamente recente que permite análises eficazes e não invasivas para o monitoramento de padrões de biodiversidade. Os estudos nessa área geralmente se concentram no uso de dados de sequenciamento para delimitar unidades básicas, como as Unidades Taxonômicas Operacionais Moleculares (MOTUs) ou variações de sequência de amplicons (ASVs). Após essa delimitação inicial, são aplicadas abordagens analíticas padronizadas da ecologia de comunidades. No entanto, os dados de eDNA carregam muito mais informações do que apenas a presença ou ausência de unidades discretas. Atualmente, é cada vez mais viável empregar abordagens mais abrangentes, nas quais as análises são realizadas diretamente a partir de filogenias ou das distâncias genéticas entre MOTUs ou ASVs. Essas abordagens consideram a estrutura hierárquica das relações evolutivas entre os organismos amostrados, permitindo uma compreensão mais contínua e integrada dos padrões de biodiversidade.

No contexto deste subprojeto, uma primeira aproximação foi realizar uma breve revisão dos conceitos e métodos que possibilitam a incorporação de padrões filogenéticos nas análises de metabarcodagem de eDNA. Ilustramos essa abordagem com dados sobre a diversidade de eucariotos ao longo da Bacia do Rio Araguaia, destacando alguns dos principais desafios e oportunidades (Fig. 3.4.15; ver Diniz-Filho et al. 2024; PECON). Espera-se que esta perspectiva incentive pesquisadores que trabalham com dados de metabarcodagem de eDNA a adotar, complementar ou mesmo substituir as abordagens tradicionais da ecologia de comunidades pelo arcabouço teórico e metodológico da filogenia de comunidades. Isso pode ampliar significativamente o potencial interpretativo dos dados eDNA e contribuir para uma visão mais profunda e evolutiva da biodiversidade.

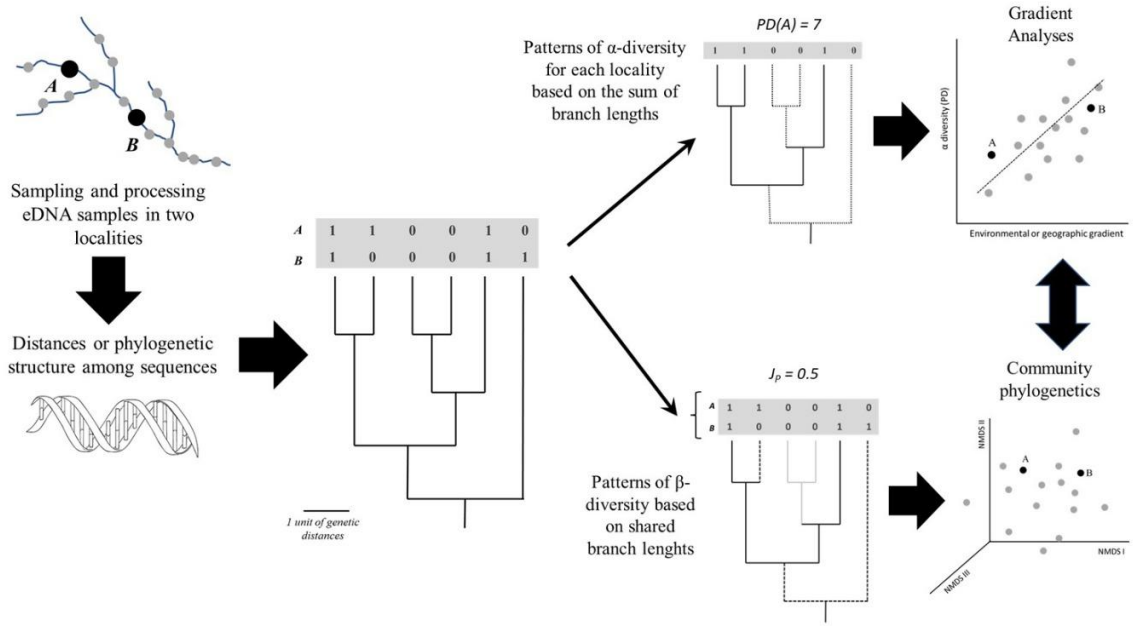


Fig. 3.4.15. Esquema ilustrando a aplicação de análises espaciais e de filogenética de comunidades a dados de eDNA (ver Diniz-Filho et al. 2024).

Além da discussão teórica e metodológica a partir dos dados obtidos anteriormente, foram realizadas novas e extensas amostragens em 2023 para obter mais amostras de água e extrair o eDNA, que estão sendo analisadas (ver resultados do GT em Ecologia Aquática, seção 3.8). Um estudo já finalizado e sendo preparado para publicação fez parte da dissertação de mestrado de Jocilaine Santos de Jesus, orientado por Thannya Nascimento Soares e co-orientada por João Carlos Nabout no PPG Ecologia e Evolução da Universidade de Federal de Goiás.

O objetivo deste trabalho foi, com o uso da ferramenta molecular de DNA metabarcoding, investigar a diversidade filogenética das comunidades de microeucariotos planctônicos da planície de inundação do rio Araguaia, com foco nos microeucariotos planctônicos fotossintetizantes. O sequenciamento gerou ao todo 19.804.212 sequências brutas da região V4 do gene 18S, das quais 18.138.662 (91,59%) passaram pela filtragem de qualidade, 8.013.747 de sequências foram mescladas, gerando 8.277 OTUs. Destas, 338 (4,1%) foram removidas do conjunto de dados, por estarem presente nos controles negativos e serem consideradas contaminantes. Restaram 7.939 OTUs, das quais para 1.676 (21,1%) foi possível fazer alguma atribuição taxonômica.

A análise da composição taxonômica, revelou uma diversidade de grupos eucarióticos (Figura 3.4.16), dominada pelo supergurupo SAR (Stramenopiles, Alveolata e Rhizaria), representando 42% do conjunto de dados classificados taxonomicamente, seguido por Archaeplastida (30%) e Opisthokonta (22%) e em menor proporção (6%) pelos grupos Cryptophyta, Amoebozoa e Heliozoa. Entre os microeucariotos fotossintetizantes, destacaram-se Chlorophyta como grupo mais abundante, seguido de Ochrophyta, Dinoflagellata, Cryptophyta e Charophyta. Em relação ao modo de nutrição entre os grupos classificados, os organismos heterotróficos representaram 48,8% do conjunto de dados, seguidos por autotróficos (40,1%) e, em menor proporção, por mixotróficos (11,1%). No entanto, os grupos autotróficos foram numericamente mais abundantes na comunidade.

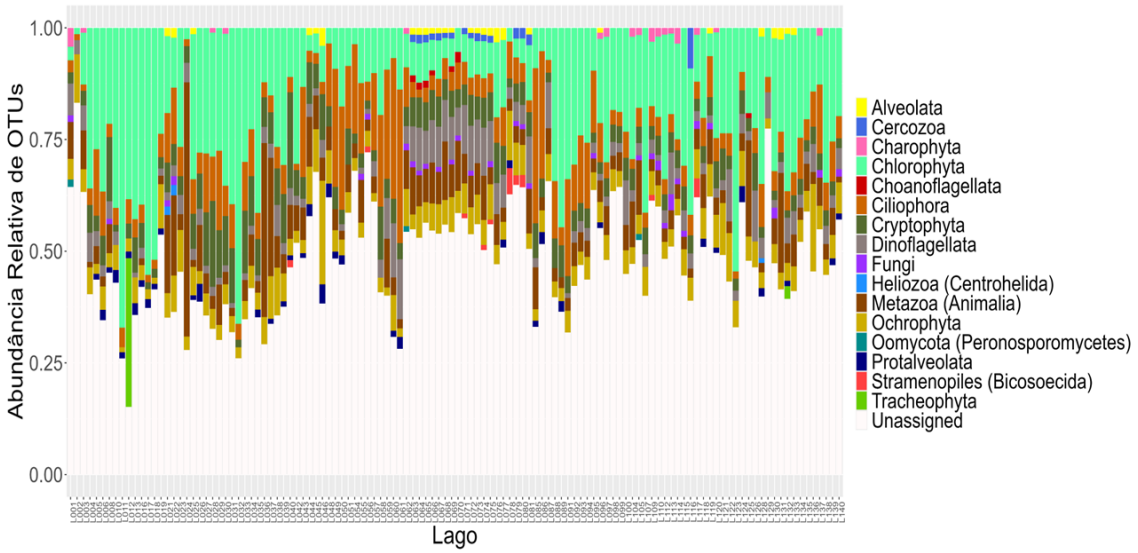


Fig. 3.4.16 – Abundância relativa (>1%) dos grupos taxonômicos identificados com o gene 18S do conjunto de dados total (todas as OTUs obtidas) por lago analisado na planície de inundação do rio Araguaia. Unassigned = OTUs sem classificação taxonômica

A árvore filogenética focal, dos microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, por sua vez, iniciou com 2.515 pontas de ramo. Após a exclusão de 18 OTUs não encontradas nos dados de abundância da comunidade, a árvore resultante apresentou 2.497 pontas de ramo (fig, 3.4.17). A árvore focal apresentou uma maior quantidade de nós com alto valor de suporte, 74,1% dos nós apresentaram valores de bootstrap acima de 70% e 10,9% apresentaram valores de bootstrap menores que 50%. A árvore total apresentou 68,3% dos nós com valores de bootstrap acima de 70% e 14,3% dos nós

com valores de bootstrap menores que 50%. A filogenia total também apresentou mais nós basais com baixos valores de suporte (< 20% de bootstrap).

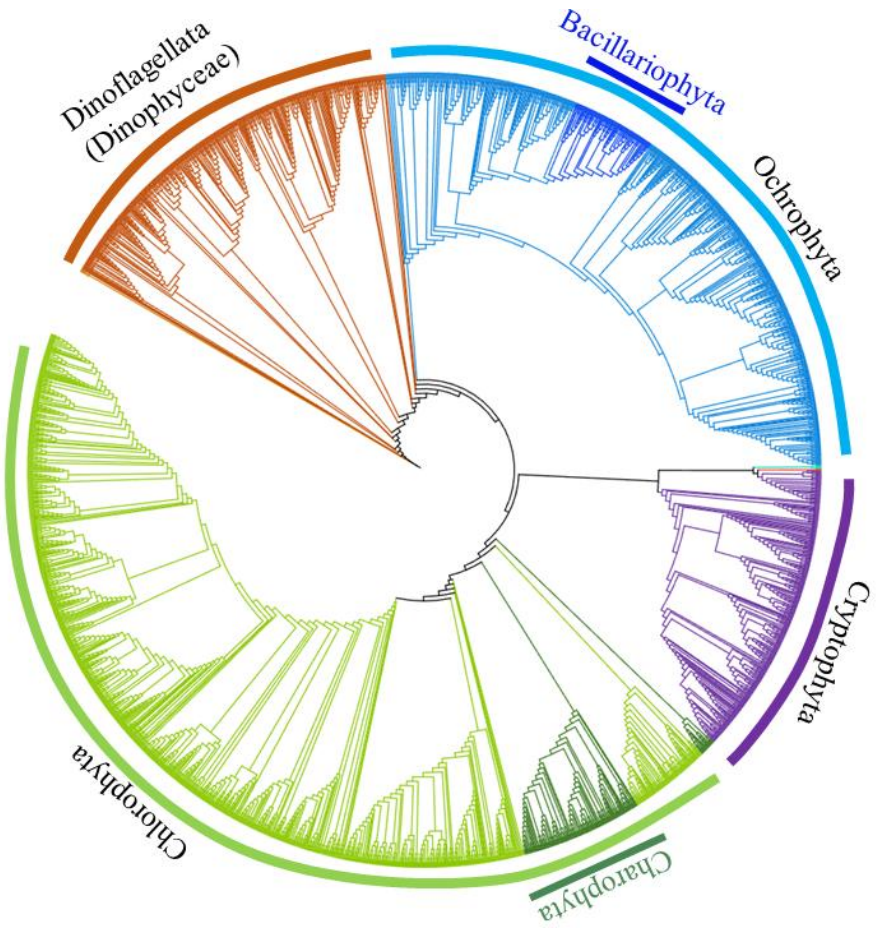


Fig. 3.4.17 - Árvore focal, rodada com o conjunto de OTUs 18S selecionadas, pertencente a microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, rodada no IQTREE com 1000 réplicas de bootstrap ultrarrápido. Glaucophyta (ciano) e Rhodophyta (vermelho) são grupos presentes na filogenia, mas que não foram nomeados na figura.

A diversidade filogenética de Faith (PD) da árvore total, variou de 111,9 (lago 45) a 472,3 (lago 80) ao longo da planície de inundação do rio Araguaia (figura 3.4.18, A). O lago com o menor PD (45), também foi o lago com a menor riqueza de OTUs (285) e o lago com maior PD (80) foi o lago com maior riqueza de OTUs (2.181).

A árvore focal, com apenas os organismos microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, apresentou uma PD que variou de 14,9 (lago 45) a 63,9 (lago 80) ao longo da planície de inundação do rio Araguaia (figura 13.4.18, B). O lago com menor PD (45), também apresentou a menor riqueza de OTUs observada na comunidade

(114), já o lago com maior PD (80) foi o nono lago com maior riqueza de OTUs (790), ficando atrás dos lagos 100 (880), 113 e 28 (858), 109 (840), 142 (836), 64 (833), 107 (806) e lago 74 (803).

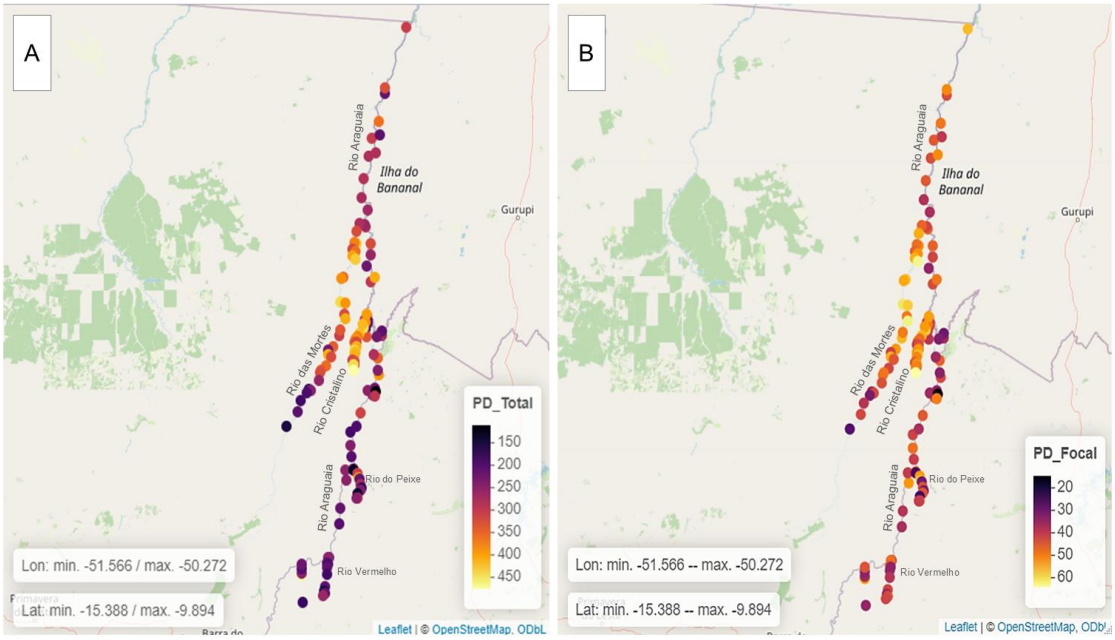


Fig. 3.4.18. Mapa de calor dos valores de PD (Diversidade Filogenética de Faith) por ponto para a árvore total (A), com todas as OTUs obtidas para o gene 18S e para a árvore focal (B), com as OTUs relacionadas aos grupos de microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, ao longo do rio Araguaia e seus afluentes.

Para investigar a influência das variáveis ambientais e variáveis espaciais obtidas com os filtros espaciais PCNMs na variação da diversidade filogenética da árvore total, foram selecionadas treze variáveis ambientais com baixo índice de multicolinearidade (VIF < 5) e cinco variáveis espaciais (autovetores de PCNMs de ampla e fina escala) que foram estatisticamente significativas ($p < 0,05$) para PD da árvore total. As variáveis selecionadas estão detalhadas na tabela do Apêndice 7. Juntas, às variáveis ambientais e espaciais explicaram 55% da variação na diversidade filogenética (PD) da árvore total. A maior parte desta variação foi explicada pelo componente compartilhado do ambiente e espaço (24%), enquanto a menor proporção foi atribuída ao efeito puramente ambiental (15%) e 16% da variação foi atribuída ao efeito espacial puro. Os 45% restante da variação não pôde ser explicada pelo modelo utilizado (figura 13.4.19, A). Para a diversidade filogenética da árvore focal foram selecionadas as mesmas treze variáveis ambientais, e sete variáveis espaciais (autovetores de PCNMs) de fina e ampla escala. Juntas estas variáveis explicaram 41%

da variação de PD da árvore focal. O efeito espacial puro e o efeito conjunto das variáveis ambientais e espaciais explicaram a maior parte da variação (17% cada) enquanto o efeito ambiental puro explicou apenas 7% da variação. No entanto a maior parte da variação dos dados (59%) não pôde ser explicada pelo modelo (figura 3.4.19, B).

Para avaliar a influência das variáveis ambientais e variáveis espaciais, obtidas com os filtros espaciais AEMs, na estrutura filogenética (NRI) da árvore total, foram selecionadas treze variáveis ambientais e quatorze variáveis espaciais de ampla e fina escala. Juntas estas variáveis explicaram 64,8% da variação de NRI da árvore total. A maior proporção (43,3%) é atribuída ao efeito espacial puro, seguida pelo efeito combinado do ambiente e espaço (17,1%), e a menor proporção (4,4%) da variação dos dados foi atribuída ao efeito ambiental puro. Os 35,2% restante da variação dos dados não pôde ser explicada pelo modelo (figura 3.4.19, C). Para NRI da árvore focal, foram selecionadas treze variáveis ambientais e treze variáveis espaciais de ampla e fina escala. Junto essas variáveis explicaram 58% da variação da estrutura filogenética da árvore focal. O efeito espacial puro explicou a maior proporção (34%), seguido pelo efeito compartilhado do ambiente e espaço (20%) e o efeito ambiental puro explicou a menor proporção da variação (4%). Os 42% restante da variação dos dados não pôde ser explicada pelo modelo (figura 3.4.19, D).

Todos as frações da partição da variância tanto para a diversidade filogenética, como para a estrutura filogenética para ambas as árvores foram estatisticamente significativas ($p < 0,05$), exceto para a fração ‘a’ (variância única explicada pelo ambiente controlada pelo espaço) da PD da árvore focal ($p = 0,2$).

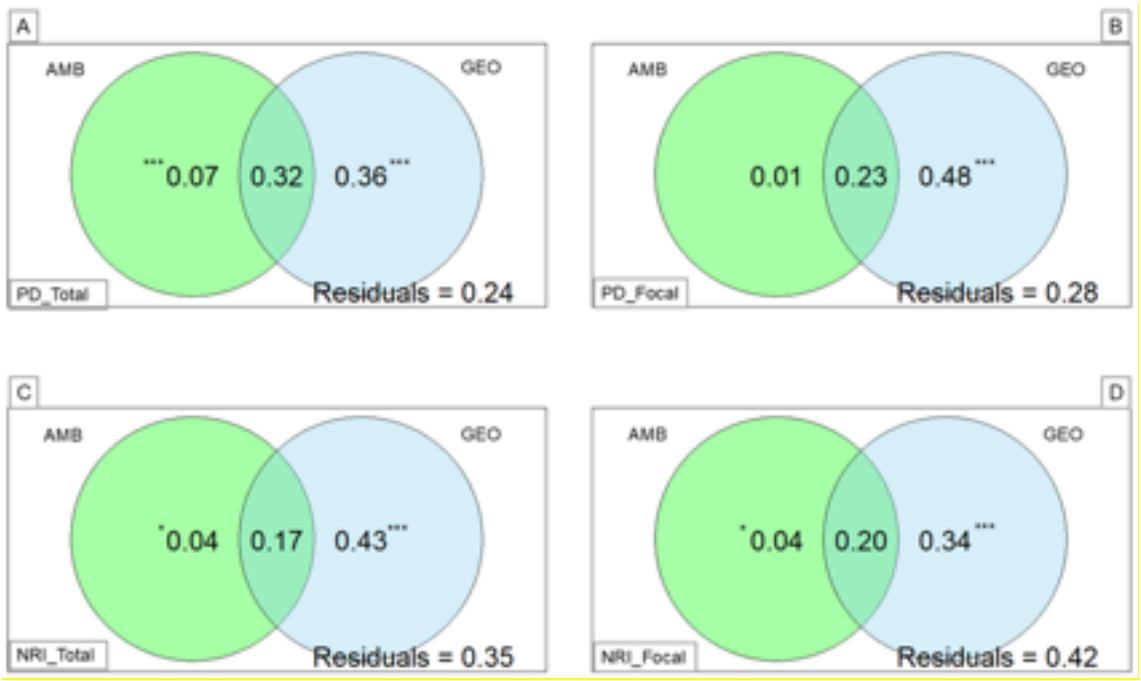


*Fig 3.4.19 - Diagrama de Venn da partição de variância da diversidade (PD) e estrutura filogenética (NRI) de OTUs para a árvore total (PD_Total e NRI_Total), com todos os microeucariotos planctônicos, e a árvore focal (PD_Focal e NRI_Focal), com os microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, em relação ao ambiente (AMB) e espaço (GEO), com os filtros espaciais AEMs (Mapas de Autovetores Assimétricos). * = p < 0,05 e *** = p < 0,001.*

A comunidade de microeucariotos planctônicos, e a subcomunidade de microeucariotos planctônicos fotossintetizantes, da planície de inundação do rio Araguaia mostrou padrões semelhantes de riqueza, diversidade e estrutura filogenética. Para ambas, foi observada uma diversidade filogenética menor do que a esperada ao acaso e uma estrutura filogenética agrupada, sugerindo que a montagem da comunidade é influenciada por processos não aleatórios, como limitação da dispersão e filtragem ambiental. A variação da diversidade e estrutura filogenética foi explicada principalmente pelos fatores espaciais, com filtros espaciais que modelam um processo de conectividade direcional entre os lagos (AEMs) apresentando um maior poder de explicação espacial, revelando a importância dos processos de dispersão para a metacomunidade. A diversidade beta filogenética da subcomunidade de microeucariotos planctônicos fotossintetizantes foi predominantemente influenciada pela substituição de espécies, e sua dissimilaridade foi correlacionada positivamente com as distâncias ambientais e espaciais, porém as distâncias ambientais apresentaram uma maior importância.

Este estudo demonstra a eficiência da técnica de metabarcoding de eDNA para o monitoramento das comunidades de microeucariotos planctônicos e avaliação da

diversidade filogenética destas comunidades, para responder perguntas ecológicas e evolutivas a respeito da montagem das metacomunidades. Embora reconheçamos que existem algumas incertezas associadas aos nossos resultados, este trabalho vem contribuir para o preenchimento da lacuna de conhecimento sobre a diversidade e estrutura filogenética da comunidade de microeucariotos planctônicos, autotróficos e heterotróficos, da planície de inundação do rio Araguaia. E contribuir com o aumento do conhecimento da diversidade filogenética para microeucariotos planctônicos. Destacando a importância de considerar tanto os aspectos filogenéticos quanto os ecológicos para compreender as comunidades de microeucariotos planctônicos.

Além do 18S, foi realizado posteriormente, a partir de 2024, o sequenciamento do gene COI, inicialmente, foi realizado para teste de metodologia e identificação de viés no procedimento de *metabarcoding* para zooplâncton. Inicialmente foi realizado um piloto com amostras de água no Rio Araguaia, com base em apenas 3 lagoas e essas amostras sofreram amplificação diferencial ao longo da metodologia. O sequenciamento das bibliotecas do gene COI rendeu um total de 11 Gpb. A partir da análise desse sequenciamento, foi realizada, em uma segunda abordagem, um segundo sequenciamento com o marcador COI, porém utilizando amostras coletadas em 135 pontos no Rio Araguaia. Foram utilizados os DNAs extraídos previamente de algumas amostras ou foram feitas novas extrações, quando necessário. O DNA extraído foi amplificado com *primers* específicos para o gene mitocondrial COI em triplicata para cada ponto amostrado. As amostras amplificadas foram preparadas para sequenciamento em plataforma *Miseq Illumina.* O sequenciamento rendeu um total de 13,13 Gpb de dados (Tabela 3.4.3).

Tabela 3.4.3. Descrição dos experimentos de *metabarcoding* para identificação molecular de zooplâncton, fitoplâncton e peixes do rio Araguaia.

Experimento	Delineamento experimental	Grupo alvo	Marcador Molecular	% bases >Q30	Dados gerados
eDNA_COI_PCR_09-10-23	DNA ambiental rio Araguaia - testes PCRs com COI	Zooplâncton	Gene mitocondrial COI	99,19	11,31 Gpb
eDNA_NeoFISH_27-11-2023	DNA ambiental rio Araguaia - 12S - NeoFISH	Peixes	Gene ribossomal 12S	83,26	12,67 Gpb
eDNA_18S_Exp_14-11-2023	DNA ambiental rio Araguaia - 18S	Fitoplâncton	Gene ribossomal 18S	51,27	13,18 Gpb
eDNA_18S_Exp_13-12-2023	DNA ambiental rio Araguaia - 18S	Fitoplâncton	Gene ribossomal 18S	80,82	12,20 Gpb
eDNA-COI-26-08-2024	DNA ambiental rio Araguaia - COI	Zooplâncton	Gene mitocondrial COI	84,43	13,13 Gpb

Os dados gerados para as bibliotecas COI (primeiro sequenciamento), 12S rDNA e 18S rDNA foram utilizados por estudantes de pós-graduação para finalização de suas teses e dissertações. No entanto, em adição ao proposto para a atividade 1, a bolsista realizou a análise das sequências geradas no segundo sequenciamento com o marcador COI.

Até esse momento, foi realizado a análise de qualidade das sequências, o filtro de qualidade mantendo somente sequências com phred maior que 20, a montagem das sequências consenso e a identificação das ASVs (Amplicon Sequence Variant) para cada um dos pontos amostrados. Após a análise de qualidade, foram retirados alguns pontos que não possuíram número de leituras suficientes para a análise da biodiversidade zooplanctônica. No final, foram utilizados 112 pontos que possuíam pelo menos 10 mil leituras cada. A partir da profundidade de sequenciamento de cada ponto, foi realizado uma análise de rarefação para identificação da estabilidade da curva e indicar se a amostragem de sequenciamento foi suficiente para recuperar a biodiversidade do ponto (Figura 3.4.20).

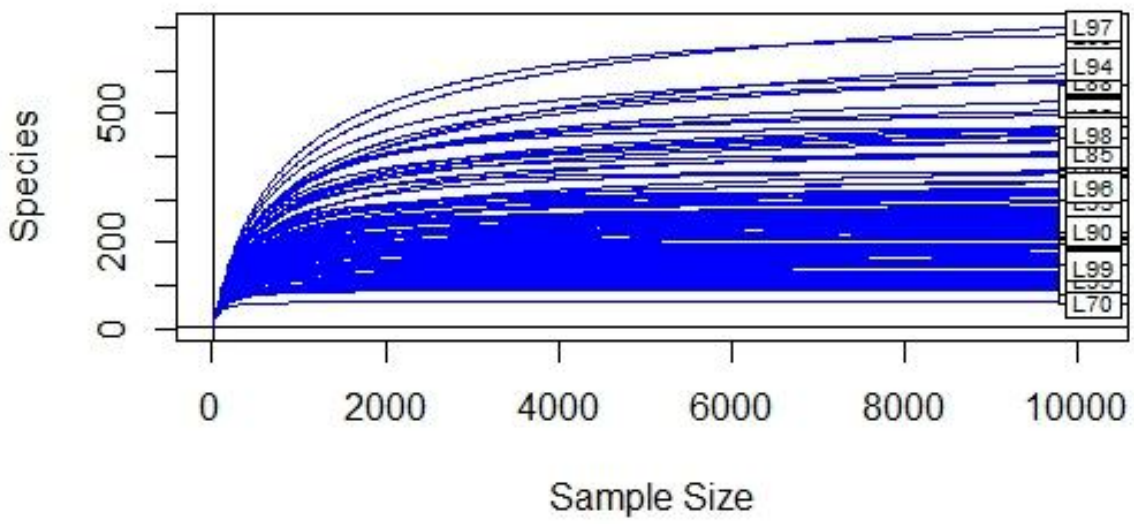


Fig. 3.4.20. Curva de rarefação contendo todos os 112 pontos sequenciados. Note que todos alcançam ou tendem a alcançar a estabilidade.

Foram identificadas cerca de 20 mil ASVs em todas as amostras. As sequências foram utilizadas para a atribuição taxonômica, ou seja, identificação molecular dos organismos presentes em cada ponto. Assim que finalizado a atribuição, será realizado computado a biodiversidade de cada ponto da região. Além disso, as sequências serão utilizadas para uma abordagem filogenética dos grupos presentes, seguindo o trabalho de Diniz-Filho et al. (2024).

Ainda no contexto do projeto do Araguaia, foi realizado o preparo do sequenciamento genômico pela metodologia de *shotgun* de duas espécies de macrófitas que foram coletadas ao longo do rio Araguaia em fevereiro de 2023. O DNA das espécies *Eichhornia crassipes* e *Paspalum repens* foi extraído, avaliado e quantificado para o preparo das bibliotecas de sequenciamento, com o objetivo de avaliar padrões de dispersão e estrutura populacional ao longo do rio. Para o preparo das bibliotecas, as amostras de DNA foram fragmentadas e, aos fragmentos, foi adicionado os adaptadores e códigos de barra específicos para cada espécie (Fig. 3.4.21).

As bibliotecas genômicas foram avaliadas quanto a sua fragmentação, quantificadas e diluídas. As bibliotecas foram sequenciadas em plataforma Miseq Illumina de forma paired-end por 600 ciclos. Foram produzidos cerca de 17,42 Gpb para as duas espécies (total de 28 milhões de leituras) com 71% de leituras com qualidade acima de Q30. Para a espécie *Eichhornia crassipes* foram gerados cerca de 8,72 Gpb enquanto para *Paspalum repens* foram gerados cerca de 7,65 Gpb.

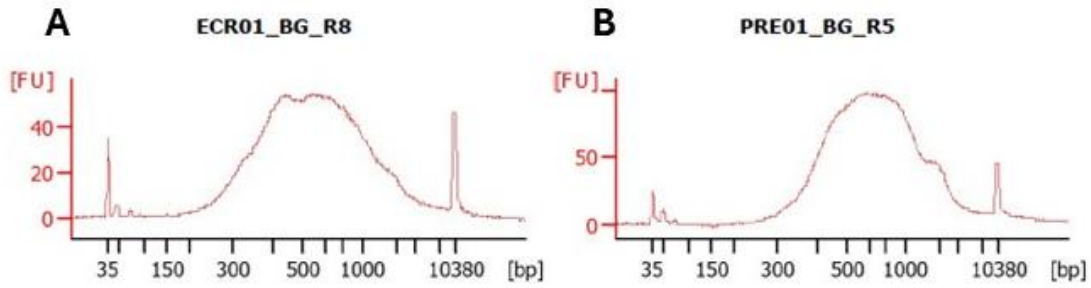


Fig. 3.4.21. Padrão de fragmentação obtido por eletroforese microflúidica das bibliotecas genômicas das macrófitas *Eichhornia crassipes* (A) e *Paspalum repens* (B).

Muitas outras análises serão analisadas pelo LGBio, no contexto desse GT, no ciclo II do INCT, em parceria com os demais projetos e continuando a associação com o novo INCT coordenado pelo Dr. Eduardo Eizirik, da PUC-RS. Essas análises envolvem um acoplamento de resultados de novas tecnologia de sequência de nova geração a fim de obter SNPs adaptativos cuja variação interpopulacional pode ser analisada explicitamente em um contexto de “resgate evolutivo”, integrando o GT com as análises macroecológicas de mudança climática. Prevê-se, no ciclo II, também a continuidade e expansão das análises de eDNA, principalmente a partir de dados obtidos no rio Araguaia.

3.5. Diversidade Funcional e Ecossistemas

Coordenador do projeto do GT (*PIs*): Valério Pillar (UFRGS)

O GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas logrou estabeleceu uma rede de pesquisa sobre manejo para conservação de ecossistemas não florestais com os seguintes objetivos: (i) Compreender e predizer os efeitos de práticas de manejo na biodiversidade e em serviços ecossistêmicos, com ênfase em campos e savanas de diferentes tipos que ocorrem no Brasil, tendo em vista a falta de consenso no meio científico e entre gestores de unidades de conservação sobre os níveis de intervenção humana necessários para a manutenção da biodiversidade nesses ecossistemas, nos quais o fogo é um componente importante e, em geral, o uso pastoril é histórico; (ii) avaliar como são utilizadas as práticas mais generalizadas de manejo dos diferentes ecossistemas não florestais no Brasil; e (iii) avaliar, adotando uma abordagem de manejo adaptativo, as implicações do uso de práticas de manejo para a gestão de unidades de conservação, reservas legais, áreas de preservação permanente e outras áreas protegidas legalmente, e a sua integração no planejamento da conservação da biodiversidade.

As atividades realizadas pelo grupo de trabalho incluíram visitas técnicas, workshops (oficinas) e encontros virtuais. Antes da pandemia de COVID-19, organizamos oficinas presenciais e visitas técnicas, com participação mais restrita de pesquisadores devido aos objetivos iniciais e às restrições orçamentárias. Com a pandemia e a impossibilidade de realizar encontros presenciais, buscou-se ampliar a participação por meio de encontros virtuais regulares, envolvendo pesquisadores de diferentes áreas (botânica, ecologia, entomologia, agronomia, zootecnia) e com experiência em distintos ecossistemas não florestais do Brasil. Dessa forma, expandimos a rede de pesquisa com o intuito de estabelecer experimentos distribuídos em escala nacional, focados no manejo com fogo e/ou pastejo em campos e savanas, visando avaliar seus impactos na biodiversidade e nos serviços ecossistêmicos. Assim, criamos as condições para a instalação de experimentos em parceria com outras iniciativas em ecossistemas não florestais, incluindo os sítios PELD (Pesquisa Ecológica de Longa Duração). Foi possível também avançar na elaboração de um protocolo experimental comum para os experimentos de manejo que foram propostos, culminando, em 2024, com a preparação e a submissão da proposta de um novo INCT, intitulado “AdaptaClimaVeg: Manejo e conservação da biodiversidade e seus benefícios em campos e savanas diante da crise climática” com o objetivo de avaliar os efeitos do manejo da vegetação nativa campestre e savânica sobre a biodiversidade e seus

benefícios, incluindo a redução do risco de incêndios, considerando cenários climáticos atuais e futuros. A seguir são detalhadas as atividades realizadas no período de 2017 a 2024 pelo GT Diversidade Funcional e Ecossistemas do INCT Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade.

Em 2017, as atividades do GT concentraram-se na produção de um artigo sobre a necessidade do manejo pastoril em ecossistemas não florestais, bem como na exploração de alternativas para implantação de experimento avaliando efeito do manejo pastoril em formações abertas do Cerrado. Definiu-se que o experimento distribuído a ser realizado pelo GT seria análogo ao mantido desde 2010 no âmbito do projeto PELD – Campos Sulinos e envolveria avaliação de respostas da biota (vegetação e artrópodes) a estratégias de manejo envolvendo o pastejo, incluindo também tratamentos com fogo. Embora não tenha sido possível realizar um workshop ainda em 2017 para discussão presencial da temática proposta pelo GT e integração dos seus membros (por falta de liberação de recursos), decidiu-se direcionar o trabalho para o artigo inicial de revisão, já referido, liderado pelo bolsista DTI vinculado ao GT (Rodrigo Baggio), realizar contatos preliminares com pesquisadores para sondagem de áreas experimentais e discussões da temática com alguns dos membros do GT, sobretudo Gerhard Overbeck, Alessandra Fidelis e Fernando Quadros. O bolsista apoiou a estruturação do GT e preparou a primeira versão de um artigo síntese sobre a necessidade de manter grandes herbívoros pastadores para conservar ecossistemas não florestais no Brasil, incluindo uma revisão sobre a megafauna extinta na origem desses ecossistemas e sua coevolução com a biota atual, o efeito das extinções pleistocênicas, o avanço das florestas, e os desafios para o manejo pastoril de ecossistemas campestres e savânicos com vistas à sua conservação. Esse artigo foi posteriormente submetido ao periódico *Perspectives in Ecology and Conservation* e publicado em 2021, tendo atualmente 27 citações na base Scopus (Baggio et al. 2021, https://doi.org/10.1016/j.pecon.2021.06.002).

As atividades do GT no ano de 2018 incluíram a realização de uma enquete com todos os membros da rede de pesquisa promovida pelo GT, com o objetivo de coletar informações sobre os experimentos em andamento relacionados ao manejo com fogo e pastejo em ambientes não florestais. Foram catalogados seis experimentos em andamento (um no Cerrado e cinco no Pampa), com potencial para exploração de dados no âmbito do projeto vinculado ao GT. Além disso, foi planejado o primeiro workshop do GT, para abril de 2019. Foi realizada uma expedição em campo à Serra do Cipó, com o objetivo de realizar um reconhecimento da fisionomia e histórico de manejo na região

de campos rupestres da Serra do Cipó, bioma Cerrado, e buscar áreas passíveis de serem utilizadas no experimento de manejo a ser proposto pelo GT.

Participaram da visita à Serra do Cipó o coordenador do GT, Prof. Valério Pillar, e a bolsista DTI à época, Felícia Fischer, tendo sido recebidos na Serra do Cipó pelo Professores Geraldo Wilson Fernandes e Ricardo Solar, da UFMG. O campo rupestre é uma das fisionomias contidas no âmbito do cerrado lato sensu, majoritariamente herbácea, com diferentes graus de cobertura e maior ou menor presença de elementos lenhosos. Não raro a presença de capões, principalmente associados aos vales e áreas com maior umidade. Embora a fisionomia dos campos seja aparentemente homogênea, uma observação mais atenta permite perceber a grande variação na composição de espécies. Tais variações resultam da diferença principalmente do relevo e tipo de solo. Ainda, o histórico de uso do solo e o clima sob influência atlântica em algumas regiões também afetam a vegetação de forma perceptível. Possui beleza cênica incomparável e por suas características únicas, também um grande número de espécies endêmicas ameaçadas. Por estes motivos, na Serra do Cipó situam-se diversas unidades de conservação, destacando-se o Parque Nacional da Serra do Cipó, onde predomina a visão de que na unidade de conservação distúrbios como queimadas e pastoreio devem ser suprimidos. A região da Serra do Cipó é ocupada majoritariamente por fazendas de lazer e estabelecimentos voltados ao turismo. O uso das terras para o pastejo com bovinos ainda é observável. Tal atividade ocorre principalmente da forma extensiva sobre a vegetação nativa e é comumente associada ao manejo com fogo.

Exploramos possíveis áreas para a instalação do experimento na Serra do Cipó, considerando as principais fisionomias, histórico de uso e proprietários das terras. A área pretendida (e.g. Fig. 3.5.1) deveria estar contida em uma fisionomia típica de campo rupestre, conter uma área homogênea e extensa o suficiente para alocar ao menos um bloco do experimento. Tais dimensões, devem ser de um tamanho suficiente para a manutenção de um grupo de bovinos permanentemente. Estimamos que 40-50 hectares sejam suficientes para tanto, mas dependerá da produtividade primária. Deve-se considerar que há uma dicotomia sobre o histórico de uso ideal que buscamos. Se por um lado, manter um manejo já existente, permite avaliar as diferenças nos tratamentos de supressão de manejo; por outro lado, usar uma área já excluída de manejo há algum tempo e avaliar as mudanças conforme o manejo é reintroduzido, parece igualmente interessante.



Fig. 3.5.1. Área representativa de campo rupestre na Serra do Cipó, mantida com manejo usando fogo e pastejo por bovinos.

O 1º workshop do GT foi realizado em Porto Alegre, na UFRGS, entre os dias 7 e 9 de abril de 2019, com o tema “Fogo e Pastejo em Ecossistemas Não Florestais (ENF) Brasileiros”. Participaram 15 pesquisadores, entre membros do GT e convidados. A organização do workshop contou com a bolsista DTI à época, Luciana Meneses. A primeira atividade do encontro consistiu em uma visita à Estação Experimental Agronômica (EEA) da UFRGS, ao experimento “Nativão”, onde foram visitadas áreas experimentais de campo nativo no bioma Pampa, principalmente um experimento avaliando manejo pastoril com gado bovino, sob diferentes intensidades de pastejo, desde 1987 (Fig. 3.5.2). No segundo dia os pesquisadores apresentaram sínteses do conhecimento acerca de fogo e pastejo em ecossistema não florestais alvos de seus estudos (Fig. 3.5.3). As apresentações foram as seguintes: - Luciana Menezes: síntese para região dos Campos Sulinos, resultados prévios de uma revisão da literatura; - Fernando Furquim: apresentou resultados de sua pesquisa de doutorado envolvendo interação de fogo e pastejo no Pampa; - Fernando Barbosa: revisão sobre distúrbios na região campestre do Pantanal, aqui incluindo inundação, além de fogo e pastejo; - Alessandra Fidelis: apresentou resultados de experimentos de longa duração com

queimadas na Serra do Tombador, no Cerrado; - Giselda Durigan: apresentou resultados já publicados sobre interação da vegetação no Cerrado com pastejo. Durante parte do segundo e do terceiro dia de workshop trabalhamos na elaboração de um protocolo para uma rede de experimentos para avaliação do efeito do fogo e do pastejo sobre a biodiversidade, bem como processos e serviços ecossistêmicos associados. A demanda por esse protocolo surgiu a partir da observação de que no levantamento dos experimentos em andamento não encontramos uma padronização que permitisse a compilação dos dados brutos desses estudos para uma análise em conjunto. Além disso, o estabelecimento de novos experimentos é também parte dos objetivos do GT.



Fig. 3.5.2. Visita dos pesquisadores do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas ao experimento "Nativão" (Estação Experimental Agronômica da UFRGS, Eldorado do Sul/RS) durante o I Workshop do GT.



Fig. 3.5.3. Pesquisadores do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas e pesquisadores convidados durante suas apresentações sobre sínteses do conhecimento acerca do efeito de distúrbios (fogo e pastejo) nos ecossistemas não florestais estudados.

A realização do segundo workshop do GT foi prevista para maio de 2020, devido à disponibilidade de agenda dos pesquisadores. O workshop ocorreria em Brasília e na oportunidade a equipe do GT visitaria uma área na Chapada dos Veadeiros (Fig. 3.5.4) que havia sido selecionada como potencial local para instalação de um experimento da rede. Com o avanço da pandemia, o workshop foi cancelado e o responsável pelo contato no local (Ênio Sosinski) mudou sua residência para o Rio Grande do Sul, onde instalará unidades experimentais em campos com butiazais presentes no bioma Pampa.



Fig. 3.5.4. Reconhecimento de área potencial para instalação de experimento na Chapada dos Veadeiros pelo pesquisador do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas, Ênio Sosinski (Embrapa CENARGEN), em colaboração com a equipe do Centro de Avaliação da Biodiversidade e Conservação do Cerrado (CBC/ICMBio).

Considerando as restrições impostas pela pandemia, seguimos organizando encontros virtuais periódicos entre os membros do GT (Fig. 3.5.5) para troca de experiências, fomento de iniciativas experimentais e cooperação entre os grupos de pesquisa. Atualmente procuramos manter uma periodicidade mensal dos encontros. A fim de ampliar o seu alcance e a representatividade dos ecossistemas existentes no Brasil, convidamos a se juntar na rede pesquisadores em ecologia e em áreas afins com experiência no efeito do manejo pastoril e/ou com fogo em ecossistemas não florestais. Assim, além dos membros do GT, ampliamos o número de participantes nos encontros, incluindo pesquisadores com experiência no Pantanal (Arnildo Pott, Sandra Aparecida Santos), nas savanas e campos da Amazônia (Newton Lucena Costa, Anibal Moraes), na Caatinga (Olaf Bakke, Ivonete Bakke e José Morais) e no Cerrado e Campos Rupestres de MG (Eduardo Eduardo Van Der Berg e Evandro Machado). Com essa ampliação, o GT tem funcionado como um catalizador de iniciativas de pesquisa e ações em torno do manejo e conservação dos ecossistemas não florestais envolvendo mais de 40 pesquisadores de todo o Brasil.



Fig. 3.5.5. Reunião do dia 19 de março de 2021 com a apresentação sobre o Pantanal pelo prof. Arnildo Pott.

Considerando a evolução da pandemia e a falta de recursos humanos para gerir o projeto, a instalação de um novo experimento de manejo pastoril e com fogo nos campos da Estação Experimental Agronômica da UFRGS estava atrasada. Porém, em novembro de 2020, foi realizada uma visita dos pesquisadores e criada uma agenda para a implementação desse experimento. O bolsista Rodrigo Baggio realizou um mapeamento planialtimétrico da área e, com recursos da nova etapa do PELD Campos Sulinos, o experimento foi instalado em 2022.

Em 2023, logramos realizar a segunda oficina (workshop) do GT intitulada “Manejo pastoril para a conservação de ecossistemas não florestais em biomas brasileiros”. Foi realizada em Alto Paraíso, Goiás, na sede do instituto Oca Brasil, entre os dias 17 e 21 de abril de 2023. Participaram da atividade 32 profissionais, pesquisadores e gestores de unidades de conservação, entre membros do GT e convidados (Tabela 1). A oficina foi organizada sob a coordenação do Prof. Valério De Patta Pillar (UFRGS), com recursos do INCT Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, do GEF-Terrestre e com o apoio do Instituto Oca Brasil. Foi motivado pela necessidade de políticas públicas para o manejo de ecossistemas não florestais,

onde o uso do fogo tem sido cada vez mais aceito como necessário, porém o manejo pastoril com vistas à conservação da biodiversidade ainda é incompreendido por gestores e pesquisadores. Essa oficina reuniu um pequeno grupo de pesquisadores de várias instituições e gestores ambientais do ICMBio com o objetivo de recuperar conhecimento científico e práticas tradicionais, e propor estratégias de manejo para a conservação de ecossistemas não florestais em Unidades de Conservação e Reservas Legais em diferentes biomas brasileiros. A preparação foi conduzida por meio de reuniões virtuais do grupo de trabalho do INCT, de diálogos com gestores e da busca ativa em diferentes entidades governamentais envolvidas no manejo de ecossistemas não florestais. Destacamos a integração com o ICMBio por meio do gestor Alexandre Sampaio, que viabilizou grande parte da infraestrutura e apoio logístico. Também destacamos a parceria com o FUNBIO através do Projeto Estratégias de Conservação, Restauração e Manejo para a Biodiversidade da Caatinga, Pampa e Pantanal (GEF Terrestre), o qual deu apoio financeiro ao custeio de passagens e diárias de participantes que não integram a equipe do INCT e o custeio dos mediadores.

Tabela 1. Participantes da oficina “Manejo pastoril para a conservação de ecossistemas não florestais em biomas brasileiros”.

Nome	Bioma	UC/Universidade
Ailton Carneiro de Oliveira	Cerrado	CEMAV/ICMBio
Alexandre Sampaio	Cerrado	CBC
Antonio Melo	Cerrado	Fundação para a Conservação e Produção Florestal São Paulo
Arnildo Pott	Pantanal	
Bruno Lintomen	Cerrado/Amazônia	CMIF (coordenação de manejo do fogo)
Carlos Nabinger	Pampa	UFRGS
Cláudia Bueno de Campos	Caatinga	NGI Juazeiro
Eduardo Giehl	Campos de Altitude	UFSC
Eduardo Velez	Pampa	UFRGS
Enio Sosinski	Pampa	Embrapa Clima Temperado
Erica Buscardo	Campos de Altitude	UNICAMP
Etienne Oliveira Silva	Amazônia	REBIO jarú/AM
Evandro Machado	Cerrado e Campos de Altitude	UFOP
Geraldo Wilson Fernandes	Campos rupestres	UFMG
Giselda Durigan	Cerrado	Instituto Florestal de São Paulo
José Francisco Valls	Cerrado e Pampa	Embrapa Cenargen

Juliana Kuchenbecker Belisário	Campos rupestres	PPG Ecologia, conservação e Manejo da Vida silvestre/UFMG
Larissa Moura Diehl	Cerrado	Flona de Brasília
László Inagy	Campos de Altitude	UNICAMP
Lucas Danilo da Silva Durães	Cerrado	PARNA Chapada dos Guimarães
Maria Carolina Camargos	Cerrado	PARNA Chapada dos Veadeiros
Mario Cava	Cerrado	IFGO
Paulo Sérgio Campos Avelar	Campos sulinos/Pampa	PARNA Aparados da Serra/RS
Pedro Maria	Pampa e Campos de Altitude	PUC/RS
Rafael Barbizan Sühs	Campos de Altitude	UFSC
Raul Coelho	Campos sulinos/Pampa	Ibirapuitã/RS
Rodrigo Baggio	Pampa	PPG Ecologia/UFRGS
Sandra Aparecida	Pantanal	Embrapa Pantanal
Ueslei Pedro Leal de Araujo	Cerrado	PARNA Chapada dos Veadeiros
Vagner Zanzarini	Cerrado	UNESP
Valério Pillar	Pampa	UFRGS
Vitor Mendonça Aviani Ribeiro	Amazônia	PARNA Campos Amazônicos

O primeiro dia do evento consistiu na introdução sobre o problema do manejo pastoril em ecossistemas não florestais do ponto de vista ecológico, pelo coordenador da Oficina e sob o ponto de vista e experiencias dos gestores de UC's (Fig. 3.5.6). Foi ressaltada a importância da Oficina para a troca e o nivelamento de informações visando o avanço do manejo pastoril em ecossistemas não florestais para a conservação da biodiversidade. No segundo dia os participantes fizeram uma visita ao PARNA Chapada dos Veadeiros, tanto em áreas sob manejo de fogo e pastoril, onde conversaram com um proprietário rural (Sr. Taciano) que maneja com sucesso o gado em suas terras (Fig. 3.5.7), quanto em uma área de cerrado em regeneração (Fig. 3.5.8).



Fig. 3.5.6. Palestras dos gestores ambientais convidados acerca do efeito de distúrbios (fogo e pastejo) nos ecossistemas não florestais estudados.



Fig. 3.5.7. Dia em campo com o Sr. Taciano, proprietário rural que transmitiu seu conhecimento de manejo pastoril tradicional em suas terras.



Fig. 3.5.8. Dia em campo. Visita a uma área de cerrado em processo de restauração.

Ao final do dia, cada participante da Oficina comentou suas impressões sobre a experiência em campo, destacando a relevância do conhecimento tradicional para o correto manejo do fogo. Neste contexto, ainda foi ressaltado e sugerido pelos participantes que tentativas do manejo pastoril aliado à conservação devem ser feitas em pequenas escalas nas UC's parceiras, sempre associado à pesquisa e jamais negligenciando o conhecimento dos proprietários locais. Se faz necessário estabelecer formas mais eficazes de fortalecer a rede de Gestores-Pesquisadores-Proprietários rurais por meio de uma divulgação do conhecimento mais acessível e pontual, em que juntos possam driblar a dicotomia extrema relacionada ao pastejo e distúrbios no geral em ecossistemas não florestais.

O terceiro dia da Oficina foi dedicado para a discussão em grupos de trabalho sobre a necessidade do manejo pastoril em diferentes tipos de ecossistemas campestres e savânicos em UCs e Reservas Legais (Fig. 3.5.9). Perguntas como: (i) como conduzir o manejo pastoril; (ii) como fazer a integração com o uso do fogo; (iii) Quais são os obstáculos para a implementação destas estratégias de manejo (legislação, logísticos), conduziram o dia de discussão.

O quarto dia da Oficina foi dedicado a uma nova visita em campo objetivando adquirir experiências de manejo de cerrado com representantes da comunidade quilombola Kalungas, que vivem e sobrevivem dos ecossistemas locais, utilizando o manejo pastoril e manejo de fogo associado à conservação dos recursos naturais (Fig. 3.5.10).



Fig. 3.5.9. Apresentação de um dos grupos de trabalho acerca da necessidade do manejo pastoril em diferentes tipos de ecossistemas campestres e savânicos em UC e RL.



Fig. 3.5.10. Participantes da Oficina reunidos com alguns representantes da comunidade dos Kalungas durante troca de conhecimento e experiência.

Ao final da visita, alguns aspectos mais relevantes do dia em campo foram registrados pelos participantes da Oficina. Se destacam: (i) A experiência da comunidade Kalunga indica que os campos nativos da Chapada dos Veadeiros têm sido conservados pelo uso pastoril integrado com o uso estratégico do fogo. Felizmente os conhecimentos da comunidade sobre essas práticas de manejo não se perderam com a integração da comunidade na sociedade moderna. Caberia associar outras opções de manejo que permitam reduzir a frequência do uso do fogo, que tem sido aplicado a cada dois anos. Talvez, a suplementação proteica ao gado poderia permitir diminuir o acúmulo de biomassa inflamável e favorecer o desenvolvimento de uma estrutura da vegetação que cubra mais o solo, e permita ter o gado na área por mais tempo na época das chuvas; (ii) A visita à área dos Kalungas foi importante para mostrar que é possível conciliar práticas de criação de gado tradicionais com a conservação do bioma cerrado; (iii) Interessante observar como as tradições seculares conservam o cerrado com fogo e pastejo. Talvez o que mais chamou atenção foi a grande biodiversidade de gramíneas nas áreas manejadas com as duas técnicas em contraste com as áreas onde já não havia manejo. Fogo e pastejo juntos são importantes ferramentas para a recuperação e conservação.

O quinto e último dia da Oficina foi dedicado à sistematização do conjunto de apontamentos e conclusões para o manejo pastoril dos diferentes tipos de ecossistemas não florestais. Ainda, foram discutidos os produtos a serem gerados a partir desta Oficina, destacando como principal a elaboração de um artigo de síntese, que está em fase avançada de preparação, sendo liderado por Eduardo Velez e contando com a participação do núcleo principal de coautores Alexandre Sampaio (ICMBio), Rodrigo Baggio (então bolsista DTI do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas, vinculado à UFRGS), Valério Pillar (coordenador da Oficina e do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas), e Juliana Kuchenbecker (então bolsista DTI do GT em Diversidade Funcional e Ecossistemas, vinculada à UFMG).

Após o workshop de 2023, o GT continuou suas atividades, com apoio da bolsista DTI Juliana Kuchenbecker, sob supervisão do Prof. Geraldo W. Fernandes da UFMG, na compreensão e predição dos efeitos de práticas de manejo sobre a biodiversidade e serviços ecossistêmicos em mosaicos floresta-campo rupestre presentes na Cadeia do Espinhaço no Brasil. Dentre os objetivos, destacam-se avaliar os efeitos do uso pastoril e do fogo na biodiversidade e serviços ecossistêmicos, aproveitando a experiencia de uma rede de pesquisadores dedicados a esta temática, e dar suporte à instalação de um novo experimento de manejo no mosaico Capões de Mata/campo rupestre da Serra do Cipó, parte do PELD-CRSC, onde existem tanto áreas

de florestas e campo rupestre altimontanos sob forte influência do gado e do fogo, quanto áreas controle, sem presença de gado e sem incidência de fogo. Nesse experimento, cuja instalação ainda depende da obtenção dos recursos necessários, será avaliado o efeito do uso pastoril e do fogo sobre os processos ecológicos e serviços ecossistêmicos antes e depois do cercamento no mosaico florestas/campo rupestre.

Por fim, em 2024, a rede de pesquisa nucleada a partir das atividades promovidas por este GT elaborou e submeteu ao CNPq a proposta de um novo INCT, intitulado "*AdaptaClimaVeg: Manejo e conservação da biodiversidade e seus benefícios em campos e savanas diante da crise climática*". Caso aprovado, o projeto permitirá o estabelecimento e o financiamento da rede de experimentos de manejo idealizada por este GT desde o início de suas atividades. O novo INCT apoia-se no fato de que campos e savanas ocupavam, segundo estimativas, entre 27% e 43% do território brasileiro, distribuindo-se por todos os biomas. Esses remanescentes abrigam flora e fauna com uma história evolutiva de adaptação ao pastejo e ao fogo, elementos essenciais para a conservação de sua biodiversidade. No entanto, eventos climáticos extremos associados às mudanças climáticas globais têm aumentado o risco de incêndios catastróficos em vegetação nativa. A proposta do INCT busca investigar, por meio de uma ampla rede de pesquisa, os efeitos do manejo da vegetação nativa campestre e savânica sobre a biodiversidade e seus benefícios, considerando cenários climáticos atuais e futuros. Nesses ecossistemas, eventos de seca extrema elevam o risco de incêndios catastróficos, especialmente após períodos favoráveis à produção primária. Nesse contexto, queimadas prescritas podem ser uma opção de manejo, embora seu uso seja limitado em anos críticos devido ao alto risco de incêndios acidentais e à poluição atmosférica. Propõe-se, assim, que o uso pastoril da vegetação nativa campestre e savânica possa reduzir o acúmulo de biomassa inflamável, diminuindo o risco de incêndios. Ao mesmo tempo, espera-se que a adoção de boas práticas de manejo pastoril, isoladas ou combinadas com queimadas, possibilite o uso sustentável da biodiversidade e a manutenção dos serviços ecossistêmicos, incluindo a prevenção e controle de espécies invasoras. A proposta envolve uma rede de pesquisa composta por pesquisadores do Brasil, Uruguai, Argentina, África do Sul e Alemanha. Essa rede englobará sínteses de dados existentes, novos estudos experimentais e não experimentais, além do desenvolvimento de modelos de simulação de cenários climáticos e de manejo. Os experimentos em rede serão implementados seguindo protocolos experimentais padronizados. Modelos de dinâmica de vegetação e uso da terra serão desenvolvidos para considerar fatores de manejo e sua dinâmica, projetando os efeitos dessas práticas sobre a biodiversidade e benefícios associados em diferentes

cenários climáticos. Os resultados obtidos orientarão políticas públicas nacionais e globais voltadas à adaptação à crise climática.

3.6. Planejamento em conservação da biodiversidade e serviços ecossistêmicos

Coordenador do projeto do GT (*PIs*): Rafael D. Loyola (UFG/FBDS)

Desde 2017, o GT de Conservação da Biodiversidade e Serviços Ecossistêmicos do EECBio tem se dedicado a dois grandes temas: (1) como ferramentas e instrumentos legais têm auxiliado o país em sua estratégia de conservação e, (2) o papel das propriedades privadas na conservação da biodiversidade brasileira. No primeiro tema, o GT avançou, tendo elaborado um protocolo de avaliação e inclusão de ações para a conservação em Planos de Ação Nacionais para a conservação (PANs) e Planos de Ação Territoriais para a conservação (PATs).

Os PANs são instrumentos de conservação de espécies elaborados pelo governo com o objetivo de evitar a extinção de espécies ameaçadas ou, pelo menos, reduzir a incidência das ameaças que atuam sobre elas. No Brasil, eles são elaborados e coordenados por órgãos públicos como o Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade (ICMBio), para espécies animais, e pelo Centro Nacional de Conservação da Flora (CNCFlora/JBRJ), para espécies de plantas. Recentemente, o Ministério do Meio Ambiente (MMA) adotou a execução de PANs territoriais (e não por grupos taxonômicos) e passou a coordenar os mesmos.

Os PANs no Brasil são políticas públicas, pactuadas com a sociedade, que identificam e orientam as ações prioritárias para combater as ameaças que põem em risco espécies ou algumas de suas populações e os ambientes naturais e assim protegê-los. Entretanto, para que os PANs sejam eficientes e garantam o alcance de seus objetivos, é preciso garantir que as ações neles propostas sejam objetivas e tenham impacto direto sobre as espécies. Entretanto, isso nem sempre acontece no Brasil (nem em outros lugares como Austrália e México, por exemplo). Na maioria dos casos, é impossível afirmar que, caso as ações listadas nos PANs sejam implementadas, as espécies estarão livres da extinção ou menos ameaçadas. A maioria dos PANs funcionam, portanto, como uma carta de intenções na qual, de fato, é impossível afirmar que, caso implementados, as espécies ou ecossistemas estarão livres da extinção ou menos ameaçadas(os). Isso gera uma contradição na qual existe um instrumento de conservação, mas não é possível garantir que ele seja eficaz.

Existem protocolos definidos para a elaboração de planos de ação. Contudo, aparentemente esses protocolos não são seguidos à risca por diferentes razões como a complexidade do protocolo, o detalhamento excessivo das ações que devem ser

executadas - o que inviabiliza apresentar todo o protocolo em uma oficina presencial para elaboração de PANs, ou a inadequação do protocolo à realidade nacional ou local. Seja qual for o motivo, o fato é que, como mencionado acima, os PANs acabam padecendo de três grandes problemas, que levam a um quarto, maior ainda (Fig. 3.6.1). São eles:

(1) *Pouca execução*, o que, normalmente, ocorre devido à má gestão do PAN. A falta de clareza, liderança ou disponibilidade do gestor acaba gerando pouco engajamento dos atores envolvidos, que já não são muito motivados pela falta de recursos para executar o plano (por exemplo, os PANs federais do Brasil);

(2) *Pouca eficiência*, o que costuma ser resultado de ações mal elaboradas, com pouco realismo e sobretudo falta de foco em mudar uma condição negativa para as espécies e ou ecossistemas que se pretende proteger ou recuperar com o PAN;

(3) *Falha no monitoramento*, que acontece porque os PANs são focados em sua própria execução, o que é positivo, mas não avaliam o impacto positivo que eles podem gerar sobre a biodiversidade. Parte do problema está em indicadores imprecisos e de primeiro nível, ou seja, não são capazes de permitir a avaliação do sucesso do PAN. Somado a isso, há uma falta de correção de curso, que deixa o plano seguir, de forma inercial, aumentando sua ineficiência e sua pouca execução;

(4) *Baixa garantia de sucesso*, problema que é a consequência mais negativa das três anteriores. Em última instância ele significa que a biodiversidade continua ameaçada e que os recursos foram mal-empregados, gerando uma grande falta de credibilidade do PAN, dos gestores do plano e, principalmente, dos atores envolvidos.



Fig. 3.6.1. Os quatro principais problemas comumente associados a Planos de Ação para a Conservação e Recuperação da Biodiversidade e algumas de suas causas.

Por isso, desenvolvemos um protocolo que consiste em seguir, para cada ação descrita em um plano de ação, etapas de avaliação (como um algoritmo) da pertinência de ações incluídas em planos para conservação e/ou restauração (Fig. 3.6.2).



Fig. 3.6.2. Protocolo de avaliação de ações para PANs - Planos de Ação Nacional, desenvolvido pela Fundação Brasileira para o Desenvolvimento Sustentável - FBDS. O protocolo segue etapas sequenciais, que culminam com a exclusão ou classificação de cada ação como SMART (específica, mensurável, adequada, realista e em tempo) e direta, indireta, proximal ou distal.

Assim, para cada ação constante em um plano de ação é verificado se:

(1) a ação tinha relação material com os objetivos do plano de ação. Ações sem essa relação são excluídas ou readequadas;

(2) Ações com relação material com o objetivo foram então avaliadas para saber se eram *SMART* - um acrônimo (em inglês) formado pelas palavras *Specific* (específica), *Measurable* (mensurável), *Attainable* (atingível), *Realistic* (realista) e *Time Bound* (em tempo). Essa ferramenta foi aplicada por ser eficiente e amplamente usada para elaboração de ações, metas e tarefas em vários segmentos, inclusive corporativos. Segundo a ferramenta, uma ação inteligente deve ser específica o suficiente para clarear o caminho que precisa ser percorrido para sua realização. Quanto mais específica for a ação, menor a chance de interpretações equivocadas surgirem. Cada ação deve ser mensurável, pois isso evita que qualquer resultado seja definido como inadequado. Assim, toda ação deve, a princípio, conter um número (um valor, uma cifra ou uma porcentagem) que funciona como um objetivo a ser alcançado. Além disso, criar ações irreais e inatingíveis só gera desmotivação e frustração, uma vez que elas não

são alcançáveis. Por isso, uma ação precisa ser atingível. Caso uma ação seja muito desafiadora, é melhor dividi-la em múltiplas ações menores. Obviamente, cada ação do plano deve ser realista, isto é, ela deve estar alinhada com o objetivo final do plano e ser exequível (que tem relação com o componente anterior). A chance de uma ação realista ser alcançada é muito mais alta quando comparada àquelas fora de realidade material do plano. Finalmente, as ações devem ter um prazo para serem realizadas de maneira que o plano seja concluído em tempo. Esse prazo varia de acordo com a complexidade de cada ação, mas como o plano da Renova tem um limite de 10 anos de execução, estabelecemos que todas as ações podem ser realizadas em até 10 anos. Ações que não são classificadas como SMART – por qualquer um dos componentes (específica, mensurável, atingível, realista e em tempo) – são excluídas ou readequadas de maneira a melhor se aproximarem destas características, tendo como critério não alterar o conteúdo do conjunto de ações presentes no plano;

(3) Ações consideradas SMART são então classificadas em diretas ou indiretas e proximais ou distais. Ações diretas são aquelas que *têm relação direta com a mudança no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema* (por exemplo, restaurar uma área de preservação permanente – APP). Ações indiretas têm, portanto, relação indireta com a mudança no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema (p. ex., definir áreas prioritárias para conservação). Todas as ações, sejam diretas ou indiretas, podem gerar mudanças no estado de conservação em curto prazo (isto é, menos de 5 anos) ou longo prazo (mais de 10 anos). *Quando o fazem em curto prazo, foram classificadas como* proximais (p. ex., reintroduzir indivíduos na natureza); quando o fazem em longo prazo, foram classificadas como distais (p.ex., publicar estudos) (Tabela 3.6.1).

Tabela 3.6.1. Classificações de ações usadas no protocolo do GT.

TIPO DE AÇÃO	**DEFINIÇÃO**
SMART	É aquela ação considerada específica, mensurável, atingível, realista e em tempo (com prazo).
Direta	É aquela ação que tem relação direta com a mudança no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema.
Indireta	É aquela ação que tem relação indireta com a mudança no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema.
Proximal	É aquela ação que pode gerar mudanças perceptíveis no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema em curto prazo, isto é, menos de 5 anos.
Distal	É aquela ação que só pode gerar mudanças perceptíveis no estado de conservação de uma espécie ou ecossistema a longo prazo, isto é, mais de 10 anos.

As ações, foram então classificadas em uma matriz que cruza as informações sobre quantas (e quais) ações são:

a) *diretas e proximais*, isto é, ações de grande impacto;

b) *diretas e distais*, isto é, ações estratégicas que merecem ser desenvolvidas mesmo que seu impacto seja perceptível a longo prazo;

c) *indiretas e proximais,* isto é, ações que funcionam como uma aposta: não têm efeito direto, mas caso bem executadas, podem trazer resultados em curto prazo;

d) *indiretas e distais,* isto é, ações de suporte ao plano. São ações que, na maioria dos casos, geram subsídios para a execução de outras ações.

Nessa matriz, sugere-se que, no melhor dos casos, a porcentagem de ações diretas e proximais seja de, no mínimo 25%. Para as demais combinações, sugerimos que as ações sejam inferiores à 25%, quando possível (Fig. 3.6.3).



Fig. 3.6.3. Matriz de ações com as combinações possíveis das diferentes classificações e porcentagens sugeridas para cada uma das combinações.

Esse protocolo elaborado testado em ocasiões diferentes, em especial em oficinas do PAT do espinhaço, conduzido pelo Ministério do Meio Ambiente e em oficinas de revisão do Plano de Ação para a recuperação e conservação da Bacia do Rio Doce, conduzido pelo Fundação Renova. Sendo assim, nesse novo ciclo, encerramos esse tema de trabalho e não vemos necessidade de financiamento específico para ele.

No segundo tema, buscamos entender o papel das propriedades privadas em manter o serviço de polinização ao longo do território brasileiro. É sabido que a polinização desempenhada por insetos nativos melhora a qualidade e os níveis de produção de cultivos agrícolas, exercendo assim um papel importante para a manutenção da produção em larga escala e a manutenção da segurança alimentar. Assim, garantir a polinização natural é de extrema importância para países que têm sua economia dependente da agricultura, como é o caso do Brasil.

Uma das medidas mais eficientes para se incentivar a polinização natural é a manutenção de vegetação nativa próxima ou no interior de áreas agrícolas. No Brasil, a principal lei que regula o uso do solo e a gestão de propriedades privadas é a Lei de Proteção da Vegetação Nativa (LPVN), que institui duas designações de proteção da natureza que devem ser implantadas em propriedades privadas: (i) as Áreas de Proteção Permanente (APPs), que têm como objetivo principal a manutenção de

recursos hídricos, e (ii) as Reservas Legais (RLs), que se referem a uma proporção das propriedades que deve ser mantida com vegetação nativa. Compreender o papel de APPs e RLs na polinização é de grande importância para garantir a produção em larga escala e a segurança alimentar e possibilita manter a vegetação nativa em paisagens produtivas.

Nesse tema do GT, nosso objetivo foi o de avaliar a importância das APPs e RLs na provisão do serviço de polinização usando o Cerrado como estudo de caso. Geramos um mapa de uso de solo para o Cerrado referente ao ano de 2018 (resolução de 30m x 30m) e amostramos 114 microbacias do Cerrado para realizar as análises. De posse dessas informações, iremos modelar o serviço de polinização fornecido por abelhas nativas para as microbacias selecionadas. Esse modelo calcula a provisão potencial de polinização para cada célula da área de estudo, considerando a quantidade de recursos florais e de nidificação para cada uso de solo, além da abundância relativa e a capacidade de voo de cada espécie de abelha considerada. Após quantificar a quantidade de vegetação nativa incluída nas APPs e RLs dentro das microbacias, além da declividade média dessas microbacias, poderemos utilizar análise de caminho (*path analysis*) para avaliar o efeito direto da vegetação nativa incluída em APPs, RLs e fora dessas designações no fornecimento de polinização, assim como o efeito indireto da declividade (via APPs, RLs e vegetação fora) nesse serviço. No período coberto por esse relatório, concluímos as seguintes etapas/produtos:

Mapeamento do uso da terra: Utilizamos o mapa de uso de solo do Cerrado do ano de 2018 gerado pelo projeto MapBiomas (30m x 30m; mapbiomas.org/). Essa base de dados apresenta classes de uso de solo de vegetação nativa (e.g. formação florestal, formação savânica, formação campestre, área úmida natural não-florestal) e ambientes alterados (e.g. pastagem, cultura anual-perene; cultura semi-perene; mosaico agricultura e pastagem; floresta plantada e agricultura). Este mapa de uso da terra foi refinado, considerando as fisionomias nativas do Cerrado, bem como os diferentes tipos de agricultura. Tal refinamento foi necessário para que fosse possível mapear a provisão de polinização de maneira mais confiável. Para refinar as fisionomias nativas, utilizamos os dados espaciais do MCTi, que inclui 28 tipos de vegetação nativa. Para refinar os dados de agricultura, utilizamos os dados do Otimizagro para o ano de 2018 (~0.5 x 0.5 km. Iremos considerar 12 culturas agrícolas, incluindo soja, milho, algodão, trigo, feijão, arroz, laranja e cana de açúcar. A partir dessa abordagem nosso mapa final contém 38 classes de uso de solo mantendo a resolução inicial do MapBiomas (30m x 30m);

Seleção de microbacias: de posse do mapa final de uso do solo para o Cerrado (30m x 30m), selecionamos 114 microbacias para modelar a polinização. A amostragem por microbacias é necessária devido à grande quantidade de células para todo o Cerrado (~6 bilhões de células de 30 x 30m), o que torna computacionalmente inviável modelar a polinização para toda a região a partir do modelo do *Integrated Valuation of Ecosystem Services and Tradeoffs* (InVEST);

Lista de espécies de abelhas nativas. Iremos considerar as espécies de abelhas com registros de visitação para três cultivos agrícolas do Cerrado: soja, café e feijão: esses cultivos agrícolas apresentam grande dependência de polinização biótica, além de elevada importância econômica na região do Cerrado. A lista de espécies de abelhas que visitam os recursos florais desses três cultivos foi construída a partir do conhecimento prévio da Prof. Luisa Carvalheiro e da literatura específica. Uma listagem lista preliminar construída pela Prof. Carvalheiro engloba 40 espécies de abelhas (comunicação pessoal);

Compilação de características das espécies de abelhas: local de nidificação (e.g. solo ou tronco), estação com atividade de forrageamento (i.e., inverno ou verão), abundância relativa e distância máxima de forrageamento para cada espécie em metros. Tais informações foram obtidas consultando a literatura e posteriormente confirmadas com especialistas (listamos 15 especialistas em abelhas nativas do Cerrado que poderão ser consultados). Caso não haja dados suficientemente refinados para cada espécies de abelhas, devemos agrupar tais espécies em guildas (e.g. *Buzz pollination*, que é a polinização por zumbido característico de algumas espécies).

No contexto da fase II do EECBio, a proposta do GT era finalizar as atividades acima e realizar uma organização e atualização dos dados do Cerrado, refazendo diversas análises em um contexto de “biogeografia da conservação”. Por diversas razões esse subprojeto dentro do GT foi provisoriamente suspenso/cancelado, considerando diversas outras iniciativas similares já em andamento, mas os esforços serão desenvolvidos em um contexto mais regional, associado ao projeto de biodiversidade e ecologia molecular no Araguaia do GT em “Ecologia Aquática” (ver seção 3.8).

Devido à saída do Dr. Loyola da UFG em 2019 (indo trabalhar em ONGs no Rio de Janeiro) e seu afastamento gradual da academia, os trabalhos do GT foram sendo encerrados e finalizados durante a pandemia.

3.7. Monitoramento acústico automatizado em larga escala de anfíbios anuros

Coordenadores do projeto do GT (*PIs*): Rogério Pereira Bastos (UFG), Larissa Sayuri M. Sugai (Universidade de Cornell) e Diego Llusia (Universidade Autônoma de Madri)

O GT de monitoramento acústico de anfíbios em larga escala finalizou suas atividades com: (a) um total de 52 pesquisadores e 13 instituições públicas e privadas brasileiras (UFG, UNESP, UFPA, UNICAMP, UFRJ, PUC Goiás, UTFPR, UFMG, UESC, PUC Minas, UFMS, IF Goiano e UFSC) e três estrangeiras (Universidad Autónoma de Madrid, Cornell University, Humboldt institute) e (b) 36 locais monitorados no Brasil e reuniu 31 TB de dados acústicos e climáticos durante vários anos em quatro biomas exclusivos (Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal).

Com este monitoramento, objetivamos desenvolver o SoundClim, que é um programa de monitoramento orientado a perguntas que visa avaliar os impactos das mudanças climáticas em anuros neotropicais. Seguindo uma estrutura de comparação entre locais em gradientes latitudinais e altitudinais (Weltzin et al. 2003), nosso objetivo é monitorar populações nos extremos térmicos e de umidade da distribuição geográfica das espécies. Dados acústicos e climáticos coletados nesses locais nos permitem examinar a amplitude climática do comportamento de chamada das espécies monitoradas (Llusia et al. 2013b; Bonnefond et al. 2020), estimar variáveis essenciais da Biodiversidade (EBVs; Pereira et al., 2013) e prever respostas de espécies em cenários de mudanças climáticas por meio do uso de modelos de distribuição acústica de espécies (aSDM, Desjonquères et al., 2022).

Três etapas gerais foram seguidas para desenvolver o SoundClim. Com um grupo de especialistas e voluntários estabelecemos uma rede colaborativa que monitorou 36 locais em todo o Brasil e reuniu 31 TB de dados acústicos e climáticos durante vários anos em quatro biomas exclusivos (Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal). Esta rede começou a ser estruturada em maio de 2019 na Universidade Federal de Goiás (UFG, Figs. 3.7.1 e 3.7.2), com a presença de 22 participantes.

Ao final desta reunião de trabalho, distribuímos os gravadores e *dataloggers* para os participantes do grupo de trabalho que estavam presentes. Os que não estavam presentes, receberam os equipamentos no IX Congresso Brasileiro de Herpetologia, que foi realizado em Campinas (SP), em julho de 2019. Também finalizamos os protocolos para: (a) instalação dos gravadores e *dataloggers*, (b) retirada dos dados (gravações e valores de temperatura e umidade relativa do ar) registados e (c) envio dos dados para o servidor, localizado na Universidade Autônoma de Madri (Espanha).



Fig. 3.7.1. Workshop sobre "Monitoramento acústico", EECBio, Goiânia, 22 a 24 de maio de 2019.

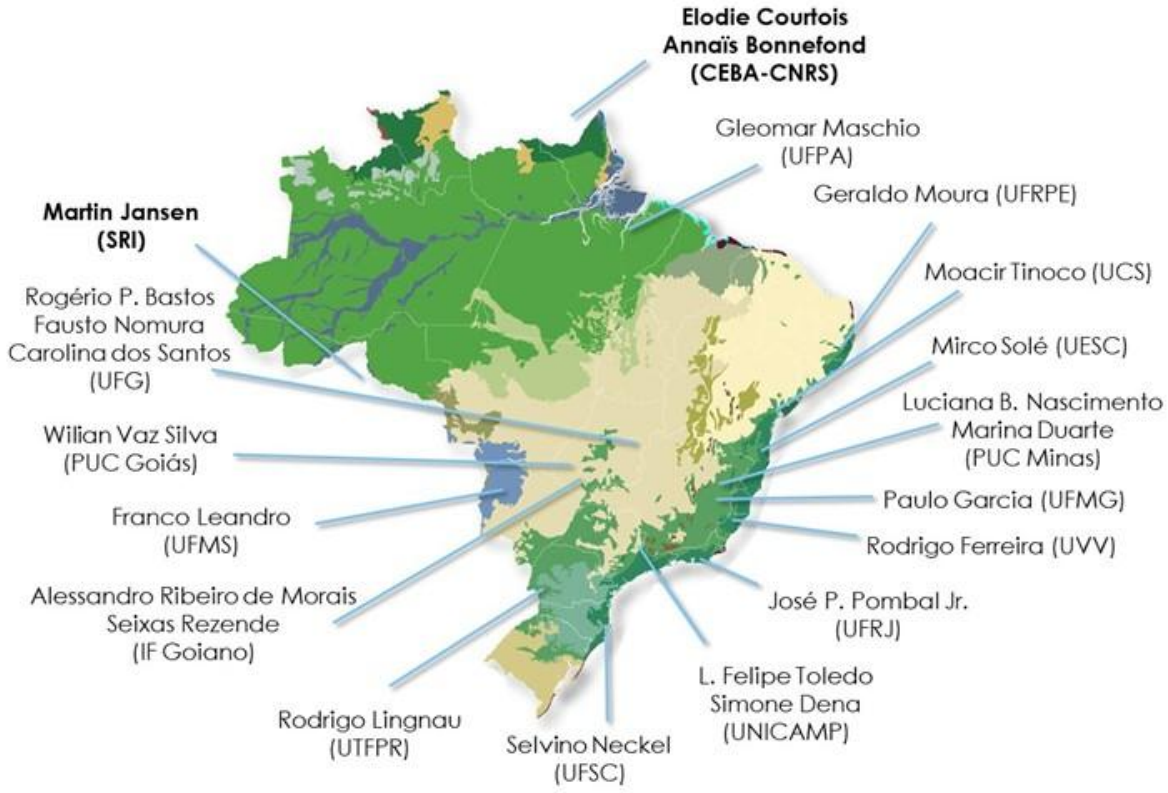


Fig 3.7.2. Localização das unidades amostrais dos experimentos de monitoramento do GT.

A partir de março de 2020, com o agravamento da pandemia da Covid-19, a manutenção dos equipamentos (e.g., troca de cartões de memória e pilhas) ficou prejudicada. Em novembro de 2020, realizamos nossa segunda reunião de trabalho, agora no formato remoto. Outro workshop (Fig. 3.7.3) foi realizado em julho de 2023 com todos os participantes para repassar atualizações gerais, bem como para levantar o andamento do monitoramento em cada localidade.



Figura 3.7.3. Workshop virtual do GT realizado em julho de 2023.

O papel dos especialistas locais foi: (a) indicar potenciais locais de monitoramento e espécies, (b) ser responsável pela coleta de dados, (c) fornecer suporte à identificação das espécies registradas e (d) auxiliar na criação de conjuntos de dados anotados (rotulagem fraca) para a aplicação de métodos automatizados de reconhecimento de sinais. Todos os participantes foram apresentados à estrutura do projeto, receberam treinamento e diretrizes para implantar e manter estações de monitoramento e foram fornecidos com o equipamento necessário (sensores acústicos e registradores de dados; Princípios orientadores, Fig. 3.7.4). Em todos os casos, esses grupos de pesquisa contribuíram com seus próprios recursos para a execução das atividades de trabalho de campo.

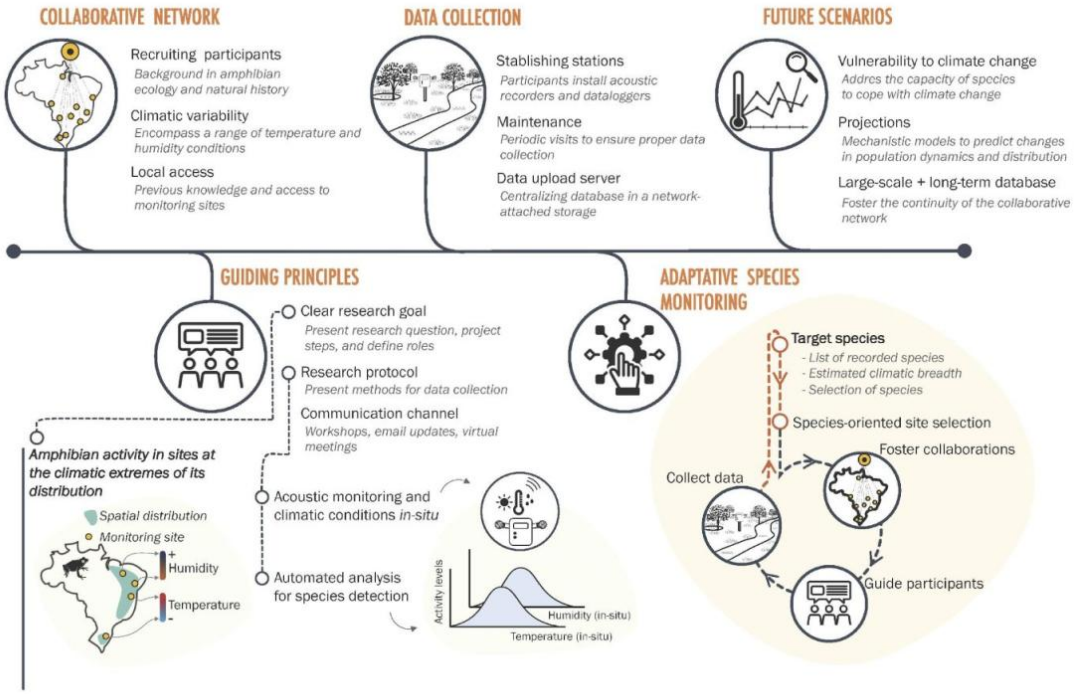


Fig. 3.7.4: Estrutura para estabelecer uma rede de pesquisa colaborativa em larga escala para monitorar a atividade acústica de comunidades de anuros neotropicais

Para processar os dados coletados pelos gravadores desenvolvemos um sistema de IA de código aberto, apoiado por anotações robustas, permitindo a detecção de espécies e seus níveis de atividade de chamada a partir de gravações acústicas passivas. Finalmente, construímos um fluxo de trabalho de pós-processamento usando inferências para fornecer conjuntos de dados harmonizados de EBVs cobrindo características acústicas, fenológicas e fisiológicas. Entre outras aplicações, esses EBVs nos permitem gerar aSDMs que preveem mudanças climáticas no comportamento e reprodução das espécies. Nossas descobertas ressaltam os principais desafios com ambientes acústicos complexos. Nesta seção, fornecemos uma descrição detalhada de cada componente deste programa de monitoramento de biodiversidade por IA (Fig. 3.7.5)

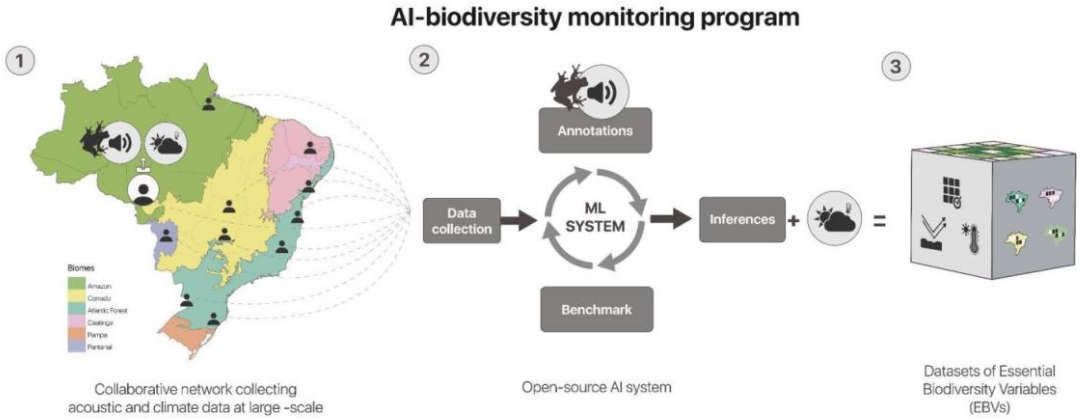


Fig. 3.7.5: A rede de monitoramento SoundClim coleta dados acústicos e climáticos em vários biomas. Os dados são processados por meio de um sistema de código aberto que gera inferências com base em anotações de espécies. Essas saídas contribuem para a criação de conjuntos de dados de Variáveis Essenciais da Biodiversidade (EBVs), auxiliando no monitoramento da biodiversidade em larga escala e no treinamento de modelos para novos cenários ambientais.

Como dito anteriormente 36 locais foram monitorados no Brasil e reuniu 31 TB de dados acústicos e climáticos durante vários anos em quatro biomas exclusivos (Amazônia, Cerrado, Mata Atlântica e Pantanal).

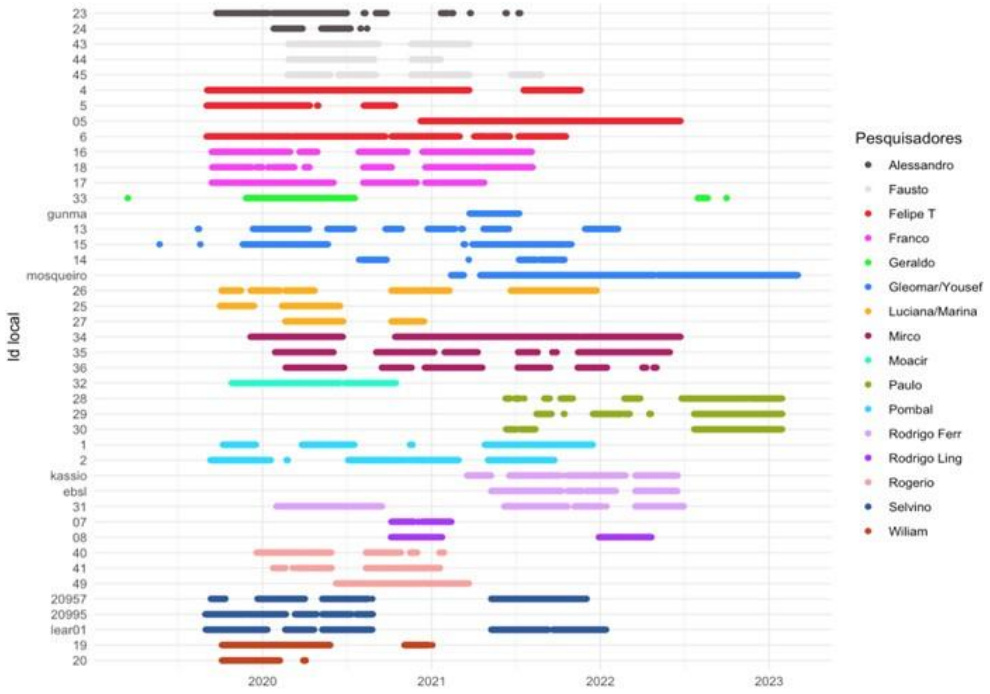


Figura 3.7.6. Cobertura temporal (eixo horizontal) dos dados acústicos atualmente presentes no servidor vindos de diferentes locais (eixo vertical) e de diferentes pesquisadores (cores).

Para coordenar esforços com especialistas locais de várias instituições e garantir consistência e precisão na rotulagem, desenvolvemos um protocolo de anotação especificamente adaptado para fins de ML (*Machine Learning*) e identificação de espécies em bancos de dados acústicos. O processo de anotação envolveu dois tipos de rótulos: (i) rótulos fracos (ocorrência de espécies e nível de intensidade de cantos de espécies para arquivos de 1 minuto) fornecidos por especialistas locais; e (ii) rótulos fortes (segmentos temporais exatos de vocalizações de anuros, identificação de espécies e qualidade do sinal) fornecidos por bioacústicos treinados. Todas as anotações foram realizadas manualmente usando software de código aberto (Audacity® v3.2.5). Para cada local, uma coleção de sonotipos foi criada para referência futura de espécies identificadas (Cañas et al. 2023). Durante todo o processo de anotação, colaboramos estreitamente com pesquisadores locais para garantir a identificação e anotação precisas das gravações.

Para visualizar os resultados da anotação e verificar facilmente a consistência dos códigos definidos no protocolo de anotação, criamos um aplicativo streamlit (Bioacoustics Annotations Dashboard, BADASH) que permite a visualização e revisão de rótulos fortes (anotações de caixa delimitadora) usados no treinamento de modelos de ML. Para processar o áudio, criar anotações e entregar um conjunto de dados pronto para ML, desenvolvemos um repositório Python de código aberto dedicado ao pré-processamento, transformação, verificação e protocolos experimentais para gravações PAM (*passive automated monitoring*).

Este repositório foi projetado para: (a) verificar a integridade e as propriedades dos dados coletados em campo, (b) filtrar, pré-processar, transformar e curar os dados e (c) dividir o conjunto de dados de acordo com protocolos experimentais para treinamento e teste. Este fluxo de trabalho permite a varredura rápida de grandes conjuntos de dados de áudio e aplica as melhores práticas para facilitar o treinamento de modelos de ML.

A aplicação desta estrutura e protocolo resultou na criação de um conjunto de dados chamado AnuraSet (Cañas et al., 2023). A versão inicial deste conjunto de dados incluiu 27 horas de anotações de herpetologistas especialistas, cobrindo 42 espécies diferentes em 4 locais de monitoramento piloto nos biomas Cerrado e Mata Atlântica (Fig. 3.7.7). O conjunto de dados foi posteriormente expandido com 177,6 horas de dados não rotulados, 44,4 horas por local, coletados nos mesmos locais do AnuraSet original.

Além disso, incorporamos rótulos para 270 gravações acústicas focais de anfíbios anuros da Jacques Vielliard Neotropical Sound Library, apresentando 305.211

minutos de atividade acústica anotada de 12 espécies. Esta versão atualizada visa encorajar pesquisadores de ML a explorar novos métodos de ML, incluindo aprendizagem supervisionada e não supervisionada. O AnuraSet está em expansão contínua, com 43 espécies adicionais passando por validação e inclusão, atingindo 75 horas de atividade de espécies anotadas. Esse crescimento contínuo aumenta o valor do AnuraSet como um recurso dinâmico e abrangente para identificação e pesquisa de chamadas de anuros nos Neotrópicos.

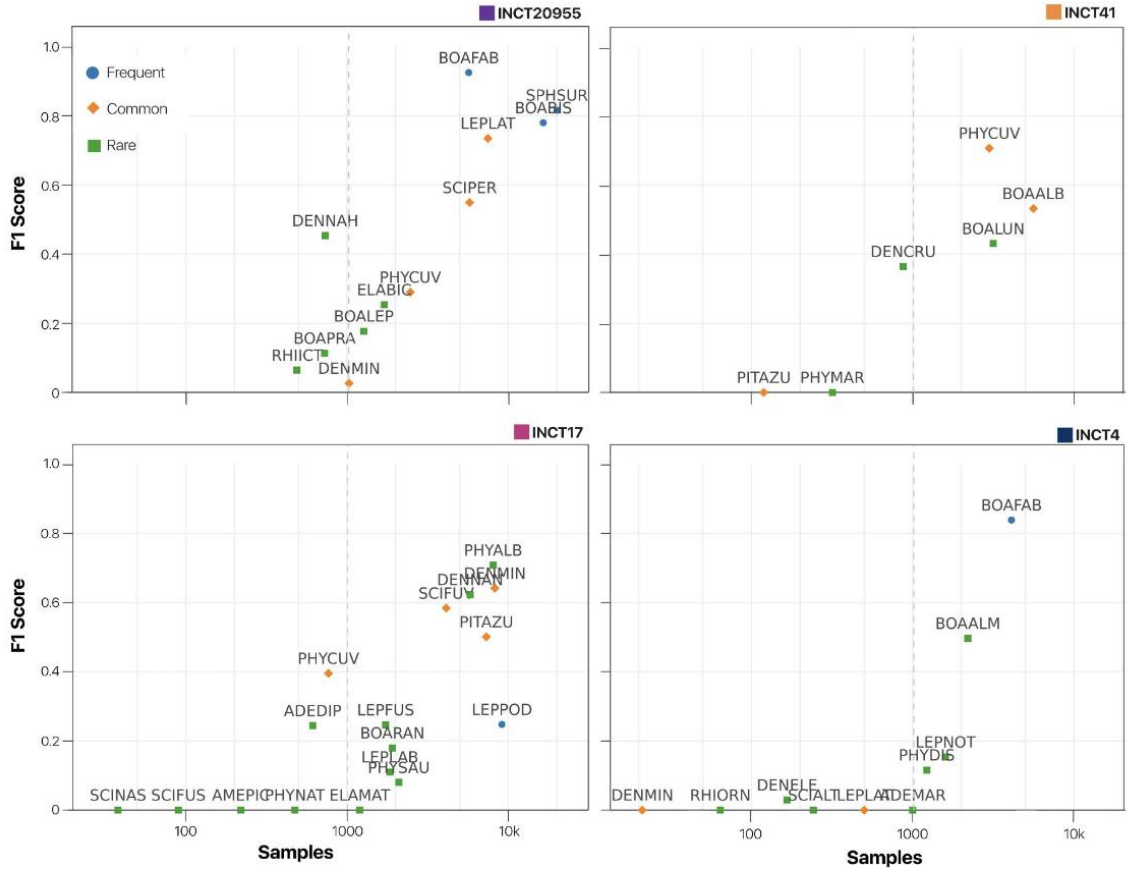


Figura 3.7.7. Performance dos modelos de aprendizagem de máquina para um conjunto de espécies em 4 localidades. Eixo horizontal contém o número de amostras, e eixo vertical, uma métrica indicando a performance do modelo. Em geral, há uma melhora significativa com um maior número de amostras por espécie.

A identificação de sons de animais em gravações de áudio passivas é desafiadora, particularmente nos trópicos devido à diversidade e complexidade das paisagens sonoras tropicais. Como as técnicas de ML estão em constante evolução e aprimoramento, desenvolvemos uma estrutura modular projetada para se adaptar, melhorar e expandir ao longo do tempo. Esta estrutura inclui métodos e protocolos para construir e estender conjuntos de dados prontos para ML, bem como um pipeline para ajustar, testar e implantar modelos de ML. Todos os nossos experimentos

computacionais estão disponíveis publicamente no GitHub e podem ser usados geralmente em várias partes de projetos de monitoramento acústico passivo.

Para transformar a identificação de chamadas de espécies em informações biologicamente significativas e extrair insights ecológicos, finalmente desenvolvemos um *pipeline* adicional que integra dados, estima EBVs de Traços de Espécies (fenologia, fisiologia e traços acústicos) da ocorrência de espécies e ambientais e, finalmente, fornece conjuntos de dados harmonizados prontos para EBV. Este *pipeline* foi projetado compreendendo dois fluxos de trabalho.

Primeiro, o fluxo de trabalho inicial lida com o pós-processamento de inferências de modelos e informações climáticas para fornecer conjuntos de dados prontos para EBV com foco em fenologia (padrões temporais de atividade de chamada) e fisiologia (amplitudes climáticas do comportamento de chamada de espécies). Os modelos podem fornecer atividade fenológica na resolução temporal de escala fina, mostrando padrões dinâmicos entre estações e ciclos naturais (Fig. 3.7.8). Usando inferências resultantes de ML de ocorrência de espécies, juntamente com dados climáticos de registradores de dados in situ, obtivemos com sucesso conjuntos de dados EBV para fenologia e fisiologia de 10 espécies de anuros neotropicais dos primeiros quatro locais de monitoramento piloto, abrangendo o período entre 2019 e 2021. Os dados foram verificados quanto à qualidade e harmonizados em uma resolução temporal de 24 horas.

Segundo, o fluxo de trabalho adicional foi adaptado para fornecer conjuntos de dados prontos para EBV para características acústicas (parâmetros acústicos das chamadas de anúncio de espécies). Neste fluxo de trabalho, anotações manuais foram combinadas com ferramentas de processamento de sinal para calcular automaticamente 15 características acústicas. Com segmentos de tempo-frequência que foram previamente identificados durante a identificação de espécies, este pipeline produziu conjuntos de dados contendo características acústicas para 36 espécies de anuros neotropicais, calculadas a partir de 1153 vocalizações. As funções para calcular as características acústicas foram completamente testadas e integradas em um pacote Python de código aberto para análise de paisagem sonora, mantido ativamente pelos pesquisadores principais.

Finalmente, conjuntos de dados prontos para EBV para características fenológicas e fisiológicas podem ser usados para ajustar modelos de distribuição de espécies acústicas (aSDM). Esses SDM específicos baseados em dados acústicos nos permitem prever mudanças temporais e espaciais na adequação ambiental para comportamento de chamada e, portanto, estimar as respostas das espécies em cenários de mudanças climáticas.

Como a precisão do modelo provavelmente depende de um banco de dados que cubra a variabilidade climática real à qual a espécie está sujeita, os pesquisadores podem optar por aumentar no máximo o número de estações de monitoramento por espécie ou focar nos extremos térmicos ou de umidade da faixa de distribuição da espécie. Finalmente, mudanças climáticas na fenologia ou distribuição são o principal resultado desses aSDM que podem informar políticas eficazes para mitigação das mudanças climáticas e conservação da biodiversidade.

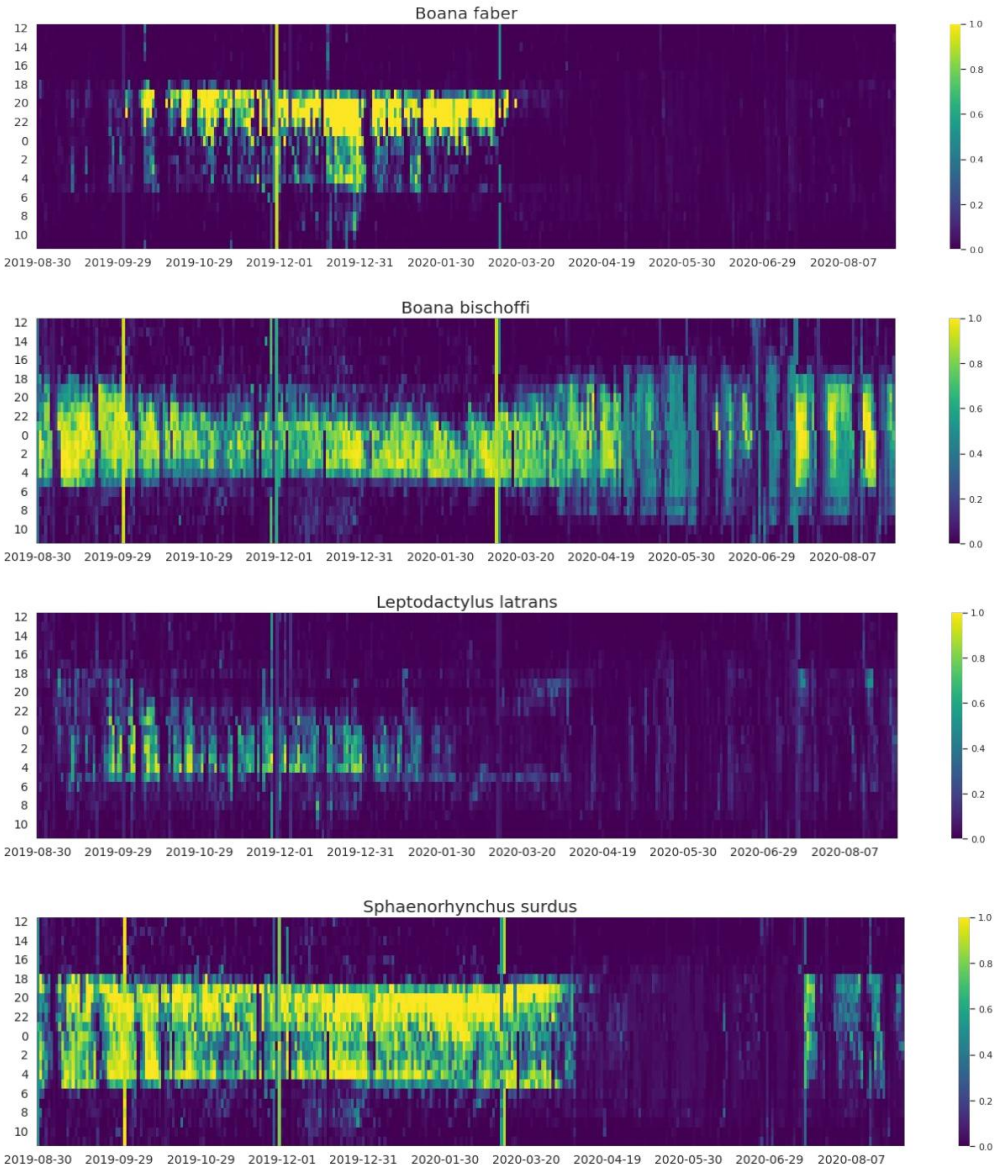


Fig. 3.7.8. O monitoramento acústico passivo, aprimorado pelo aprendizado de máquina, oferece novos insights sobre a dinâmica ecológica. Este mapa de calor ilustra a fenologia de quatro espécies de anuros ao longo de um ano, com resolução de 15 minutos, em um local de monitoramento dentro do Bioma Mata Atlântica. A intensidade da cor representa a confiança do modelo em detectar cada espécie na região, fornecendo uma visão detalhada de seus padrões de atividade temporal

Ferramentas para modelar o nicho climático das espécies e prever mudanças no comportamento e distribuição nos permitem abordar a presença das espécies em cenários futuros. No entanto, a presença é apenas um aspecto da vulnerabilidade das espécies às mudanças climáticas, e há necessidade de abordagens para determinar a sensibilidade e a capacidade adaptativa das espécies. Esses dois aspectos fundamentais se referem à capacidade das espécies de lidar com as mudanças nas condições climáticas e de persistir *in situ*, respectivamente.

Assim, um grande desafio permanece na aquisição de informações confiáveis sobre a vulnerabilidade das espécies, especialmente dados empíricos. O surgimento da ML representa uma solução fundamental e um poderoso acelerador em vários domínios, incluindo programas de monitoramento da biodiversidade, ecologia animal e pesquisa sobre mudanças globais. Estudos anteriores mostraram o uso da ML para modelar a evolução fenológica de longo prazo de atividade em pássaros, beneficiando-se significativamente dos extensos dados científicos cidadãos que dão suporte a modelos robustos (Sethi et al. 2024). Em contraste, apesar da ausência de conjuntos de dados tão ricos para outros grupos taxonômicos, nosso estudo demonstra que é possível desenvolver modelos regionais capazes de detectar vocalizações de animais em dados acústicos passivos, especificamente para anfíbios anuros.

Ao alavancar programas PAM de longo prazo e aprendizado de máquina, agora podemos abordar lacunas críticas de dados e estender o monitoramento acústico totalmente automatizado para além das aves. No entanto, um desafio significativo está em promover uma colaboração interdisciplinar mais forte entre engenheiros, biólogios e ecólogos. Em resposta, nossos esforços para criar um conjunto de dados com curadoria de especialistas e estabelecer um benchmark representam uma contribuição crucial para preencher a lacuna entre engenharia e biologia da conservação. Por um lado, desenvolvemos protocolos padronizados para anotação de dados de áudio que servem como uma estrutura de orientação para bioacústicos, permitindo que eles construam conjuntos de dados personalizados para aplicações de ML. Isso capacitará os pesquisadores a entender melhor as complexidades da construção de conjuntos de dados otimizados para avanços de ML

Por outro lado, enfrentamos um problema do mundo real facilmente compreensível, criando um *playground* para explorar várias questões de ML. Essa abordagem não apenas facilita a experimentação, mas também incentiva engenheiros e cientistas de dados a se aprofundarem na aplicação de ML em cenários práticos. Ao empreender esses desenvolvimentos, prevemos o estabelecimento de um roteiro que promova uma cultura de colaboração, experimentação, pesquisa e exploração da

bioacústica aplicada usando técnicas de ML. Ao reunir a expertise de engenheiros, biólogos e ecológos, esperamos desenvolver soluções inovadoras que possam gerar resultados positivos na conservação da biodiversidade e na pesquisa ecológica.

Ao harmonizar as séries temporais obtidas com dados climáticos, conseguimos criar uma base sólida para modelar a variação de características fenológicas, fisiológicas e acústicas em toda a extensão geográfica dessas espécies. Além disso, nossa pesquisa lançou luz sobre características críticas e amplamente desconhecidas da história de vida desse grupo altamente ameaçado de vertebrados em uma região megadiversa. Em combinação com o PAM, os algoritmos de ML usados para detectar e classificar sinais de espécies ao longo de séries temporais de gravações nos permitem determinar a variação sazonal e diária da atividade das espécies e comparar esses padrões observacionais em todos os extremos climáticos.

Quando as espécies mostram amplitudes térmicas e úmidas semelhantes durante a atividade acústica, isso sugere baixa plasticidade no comportamento de chamado. Quando as espécies apresentam condições climáticas distintas, isso pode induzir as espécies a serem ativas em amplitudes térmicas e úmidas distintas, que dependem de adaptação fisiológica ou comportamental ou plasticidade. Essas descobertas apoiarão a previsão da capacidade das espécies de exibir comportamento de chamada localmente, o que é uma característica fundamental do ciclo reprodutivo dos anuros. Além disso, pode informar modelos populacionais que podem ajudar a descrever as trajetórias das populações e espécies que interagem.

O planejamento da conservação pode se beneficiar de nossa estrutura ao adotar o monitoramento acústico para determinar as atividades fenológicas dos anuros em áreas protegidas na gestão nacional e regional. Além disso, o monitoramento acústico é uma ferramenta escalável método com alta capacidade de amostragem de resolução a longo prazo. Essas características colocam o monitoramento acústico como um candidato potencial para preencher a lacuna de variáveis essenciais da biodiversidade na estimativa das facetas da abundância de espécies, distribuição, padrões fenológicos e composição da comunidade.

As implicações significativas dessas descobertas se estendem às políticas ambientais. Elas podem servir como subsídios na elaboração de estratégias eficazes destinadas a mitigar os impactos das mudanças climáticas. Além disso, os dados obtidos em nosso estudo podem desempenhar um papel crucial no monitoramento e preservação da rica fauna de anfíbios dentro dos biomas estudados. Ao preencher a lacuna de conhecimento e promover uma melhor compreensão dessas espécies vulneráveis, esperamos contribuir para os esforços de conservação nesta região ecologicamente vital. A rede de monitoramento SoundClim uniu com sucesso mais de

50 pesquisadores do Brasil, Colômbia, Estados Unidos e Espanha, promovendo esforços de pesquisa pioneiros.

Ao servir como um centro para o desenvolvimento e aplicação de tecnologia em esforços de conservação, esta iniciativa beneficiou particularmente um país em desenvolvimento megadiverso, o Brasil. Versões futuras do SoundClim visam expandir a rede de monitoramento para outros países vizinhos, ampliando o grupo de especialistas e voluntários locais. Esta colaboração coletiva provou ser instrumental na alocação estratégica de recursos para as regiões onde eles são mais necessários – as áreas tropicais e diversas de países em desenvolvimento (Rodríguez et al., 2007). Com o estabelecimento de políticas de conservação em andamento nessas nações, a disponibilidade de dados precisos se torna fundamental para tomar decisões bem informadas. Assim, o SoundClim abre caminho para o progresso acelerado no campo, melhorando significativamente nossa capacidade de monitorar, entender e preservar a biodiversidade em países tropicais e outros ecossistemas complexos, contribuindo para os esforços baseados em dados que podem promover políticas de conservação eficazes.

3.8. Ecologia Aquática

Coordenadores dos projetos do GT (*PIs*): João Carlos Nabout (UEG), Adriano S. Melo (UFRGS).

O grupo de trabalho em Ecologia Aquática do EECBio tem os seguintes objetivos gerais: (i) modelar a variação de componentes da biodiversidade aquática (principalmente riqueza de espécies, diversidade beta e diversidade funcional) considerando variáveis explanatórias mensuradas em diferentes escalas espaciais; (ii) testar o efeito de processos que limitam e promovem a invasão de espécies exóticas em ecossistemas aquáticos; (iii) testar a eficiência de estratégias que podem minimizar os custos dos programas de biomonitoramento de ecossistemas aquáticos; (iv) avaliar os efeitos de ações antrópicas (e.g., mudanças no uso do solo, eutrofização e criação de reservatórios) sobre a biodiversidade e funcionamento de ecossistemas aquáticos; (v) realizar revisões sistemáticas e meta-análises sobre diferentes temas em ecologia aquática. Esses objetivos estão sendo alcançados considerando dados primários que já foram coletados (ou serão coletados) pelos integrantes do grupo de Ecologia Aquática do INCT/EECBio. Esses dados englobam diferentes comunidades aquáticas (e.g., comunidades planctônicas, macrófitas aquáticas, macroinvertebrados e peixes), em diferentes tipos de ecossistemas (e.g., mesocosmos, lagos de planícies de inundação, reservatórios e riachos) que estão localizados em diversos biomas do Brasil e do mundo. Para estudos que envolvem revisões sistemáticas e meta-análises, os dados serão compilados da literatura. Durante os anos de 2019 e 2023 o GT desenvolveu 8 pesquisas usando abordagem experimental, um trabalho de síntese e uma pesquisa de campo, cujos resultados encontram-se a seguir.

Eutrofização de ambientes aquáticos

A eutrofização causa severos danos a biodiversidade e serviços ecossistêmicos aquáticos. Diante disso, torna-se importante desenvolver pesquisas sobre novas estratégias de biomonitoramento de organismos associados a eutrofização. Com a construção da área experimental do INCT EECBio tem sido possível a realização dessas pesquisas. Sobre o monitoramente e impacto da eutrofização de ambientes aquáticos já foram desenvolvidos quatro estudos, sendo que três já foram publicados (Machado et al. 2023; Cobelo et al. 2022; Machado et al. 2023). A seguir estão descritos os principais resultados desses estudos

Estudo 01 - Sinais precoces da floração de algas em ambientes eutrofizados

Trabalho derivado do pós-doutorado de Karine Borges Machado, bolsista vinculada ao INCT, sob supervisão de João Carlos Nabout e com a participação de todos os membros do GT em Ecologia Aquática.

Esse trabalho teve como objetivo avaliar o efeito do enriquecimento gradual de nutrientes em comunidades fitoplanctônicas usando um experimento em mesocosmos. Os resultados desse experimento foram publicados em Machado et al. (2023). Especificamente, investigou-se como as condições da água e as diferentes métricas de diversidade taxonômica (baseada nas espécies) e funcional (com base em grupos funcionais) do fitoplâncton foram influenciadas pela eutrofização ao longo do tempo e quais dessas métricas são os melhores indicadores da resposta do fitoplâncton ao enriquecimento e podem indicar mudanças precoces no estado trófico do ecossistema.

Para o desenvolvimento do experimento foram utilizados 16 mesocosmos com capacidade para 500 L de água. Estes foram preenchidos com 30 L de água coletados em uma represa oligo-mesotrófica e tiveram o seu volume total completado com a água de um poço artesiano. Os mesocosmos receberam nutrientes em baixas concentrações até que atingissem valores de clorofila-a semelhantes à da represa onde foram obtidas as amostras. Posteriormente, os mesocosmos foram divididos aleatoriamente em dois níveis de nutrientes: i. controle, o qual recebeu a cada quatro dias, concentrações de nutrientes em quantidade semelhante a existente na represa apenas para evitar o seu esgotamento; e ii. eutrófico, onde foram adicionados, a cada quatro dias, nutrientes com uma concentração inicial de 10% superior à utilizada nos mesocosmos controle e, a seguir, com um aumento de 10% a cada evento de adição. A cada dois dias foram realizadas amostragens para avaliação dos parâmetros limnológicos da água e coleta do fitoplâncton. O experimento foi acompanhado até que os mesocosmos enriquecidos atingissem concentrações de clorofila-a que caracterizam ambientes eutrofizados, totalizando 70 dias de experimento e 36 períodos de amostragem (Fig. 3.8.1).



Fig. 3.8.1. Fotos da área experimental e realização do experimento de eutrofização.

De modo geral, as concentrações de clorofila-a, condutividade e turbidez tornaram-se maiores nos mesocosmos eutrofizados, com os tamanhos de efeito mais altos e com respostas relativamente precoces à eutrofização (26, 22, e 28 dias de experimento, respectivamente; Fig. 3.8.2). A eutrofização também levou a um aumento na densidade total de indivíduos e redução na diversidade de Shannon e equitabilidade ao longo do tempo, tanto para as espécies quanto para os grupos funcionais (Fig. 3.8.3). Apesar dos menores tamanhos de efeito, as métricas de diversidade mostraram as primeiras respostas à eutrofização (16 dias). O enriquecimento não alterou a riqueza (Fig. 3.8.3) e composição de espécies ou grupos funcionais (Fig. 3.8.4). As espécies e grupos funcionais dominantes foram encontrados tanto nos mesocosmos controle como nos eutrofizados, e os organismos raros foram os principais responsáveis pelas diferenças entre os mesocosmos. Esses resultados indicam que a eutrofização pode não ter efeitos marcantes na composição dos organismos, mas aumenta a densidade

das espécies inicialmente dominantes e exclui espécies e grupos funcionais raros. Além disso, embora com menor tamanho de efeito, as métricas de diversidade foram os primeiros indicadores da eutrofização. Por outro lado, os efeitos do enriquecimento de nutrientes nas variáveis limnológicas foram mais evidentes, mas ocorreram posteriormente.

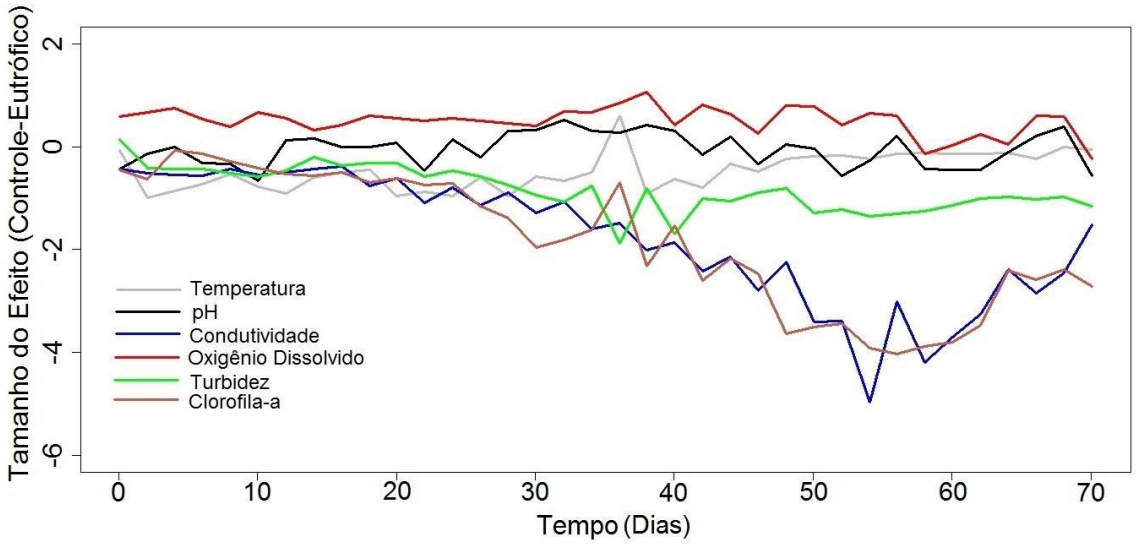


Fig. 3.8.2. Variação temporal nos tamanhos de efeito (g de Hedges) medindo as diferenças para variáveis limnológicas entre os tratamentos controle e eutrófico. Valores negativos indicam que a variável foi maior no grupo eutrófico comparada ao controle, enquanto valores positivos indicam que a variável foi maior no grupo controle comparado ao eutrófico.

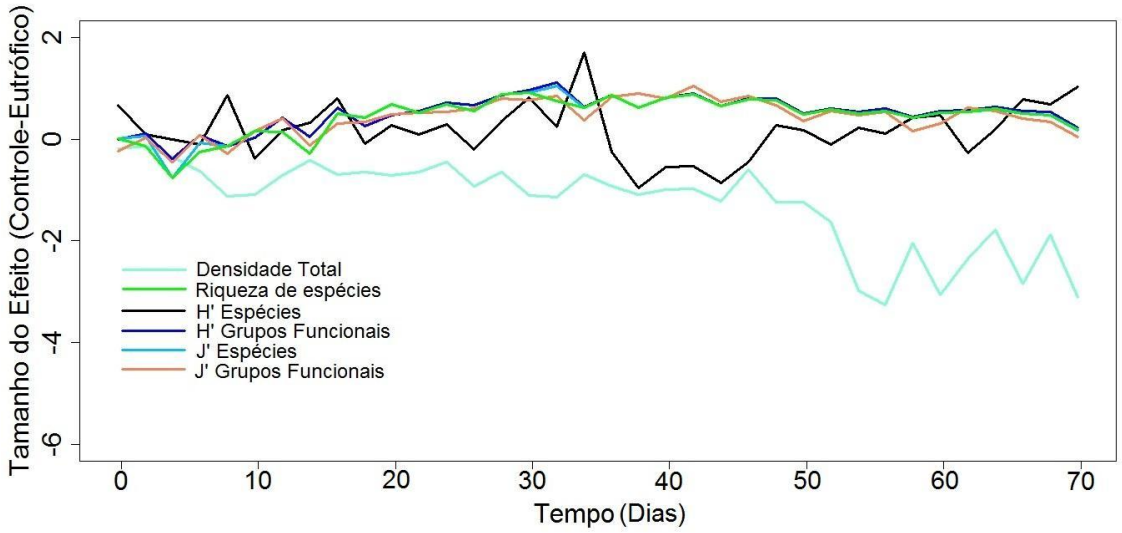


Fig. 3.8.3. Variação temporal nos tamanhos de efeito (g de Hedges) medindo a diferença para as métricas de diversidade entre os tratamentos controle e eutrófico. H' = Diversidade de Shannon, J' = Equitabilidade de Pielou. Valores negativos indicam que a variável foi maior no grupo eutrófico comparada ao controle, enquanto valores positivos indicam que a variável foi maior no grupo controle comparado ao eutrófico.

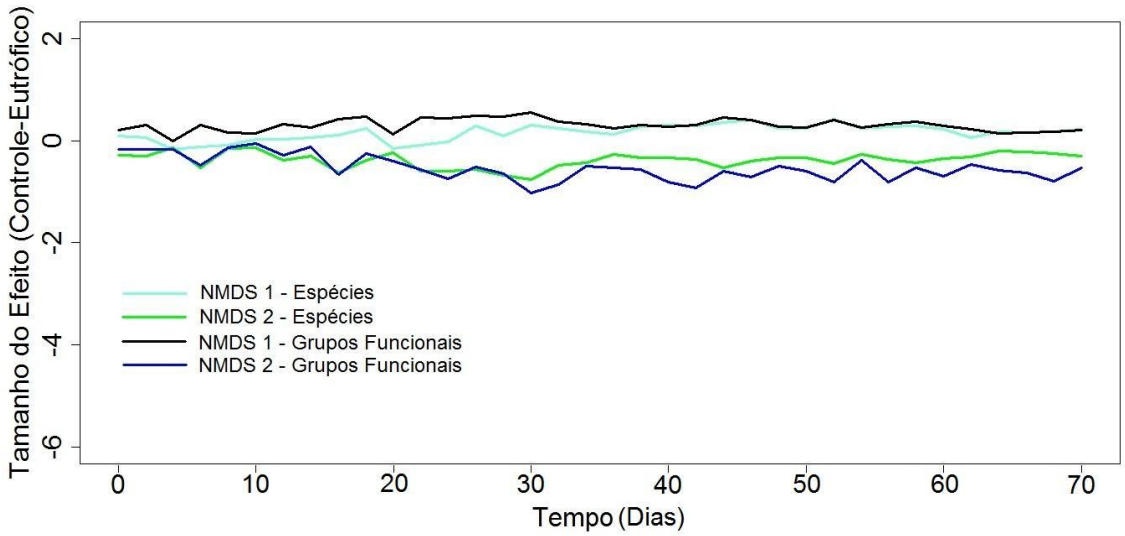


Fig. 3.8.4. Variação temporal nos tamanhos de efeito (g de Hedges) medindo a diferença para composição de espécies e grupos funcionais entre os tratamentos controle e eutrófico. NMDS 1 e 2 = primeiro e segundo eixos obtidos na Análise de escalonamento Multidimensional não métrico (NMDS) baseada na densidade de espécies e grupos funcionais. Valores negativos indicam que a variável foi maior no grupo eutrófico comparada ao controle, enquanto valores positivos indicam que a variável foi maior no grupo controle comparado ao eutrófico.

Estudo 02 - Uso de Veículos Aéreos Não-Tripulados (VANT) e sensores de baixo custo como ferramentas para monitorar a clorofila-a em mesocosmos com diferentes estados tróficos

Trabalho derivado do mestrado de Igor Cobelo do PPG Recursos Naturais do Cerrado da UEG, sob orientação de João Carlos Nabout. Este trabalho teve por objetivo incorporar novas abordagens tecnológicas de baixo custo para o monitoramento de ambientes aquáticos continentais. Os resultados desse trabalho foram publicados em Cobelo et al. (2023). Para isso, procurou-se identificar a associação de índices de vegetação obtidos a partir de bandas do espectro visível (RGB) com a concentração de clorofila-a do fitoplâncton estimada *in situ*, por meio de Veículo Aéreo Não-Tripulado (VANT) em ambiente experimental com mesocosmos variando quanto ao estado trófico. O experimento foi realizado na Área Experimental em Ecologia Aquática da Universidade Estadual de Goiás (UEG), localizada no campus de Ciências Exatas e Tecnológicas Henrique Santillo, no município de Anápolis Goiás, Brasil. Foram utilizados 26 mesocosmos de polietileno com 500 L. Os mesocosmos foram selecionados aleatoriamente para receberem diferentes concentrações de nutrientes em intervalos temporais distintos. Destes, oito foram selecionados para receber

concentrações baixas de nutrientes, oito para receber concentrações médias de nutrientes e os outros oito para receber altas concentrações de nutrientes. Estes simulavam, respectivamente, ambientes oligotróficos, mesotróficos e eutróficos. Além disso, foram usados 2 mesocosmos para o controle da cor do fundo. Estes estavam cobertos com tampa da mesma coloração do fundo.

As medições de clorofila-a nos mesocosmos foram feitas usando uma sonda multiparâmetros, da marca Eureka, modelo Manta 2, no dia 20 de novembro de 2019. Neste estudo foi utilizado um VANT do tipo multirotor, da marca *Parrot*, modelo *Anafi Work*, acoplado a uma câmera de alta resolução 4K HDR e 21 MP com sensor 1/2.4'' CMOS, com bandas Vermelha (R), Verde (G) e Azul (B). O voo foi realizado no mesmo dia das medições *in situ*, por volta de 13 h (horário de Brasília), sob tempo nublado, o que favoreceu a eliminação dos efeitos de sombra que os mesocosmos poderiam exercer sobre a superfície da água. A duração do voo foi de aproximadamente 6 min e as imagens foram captadas apenas neste momento, a uma altura de 20 m a partir do solo, resultando em imagens com resolução espacial de 0,642 cm (Fig. 3.8.5).

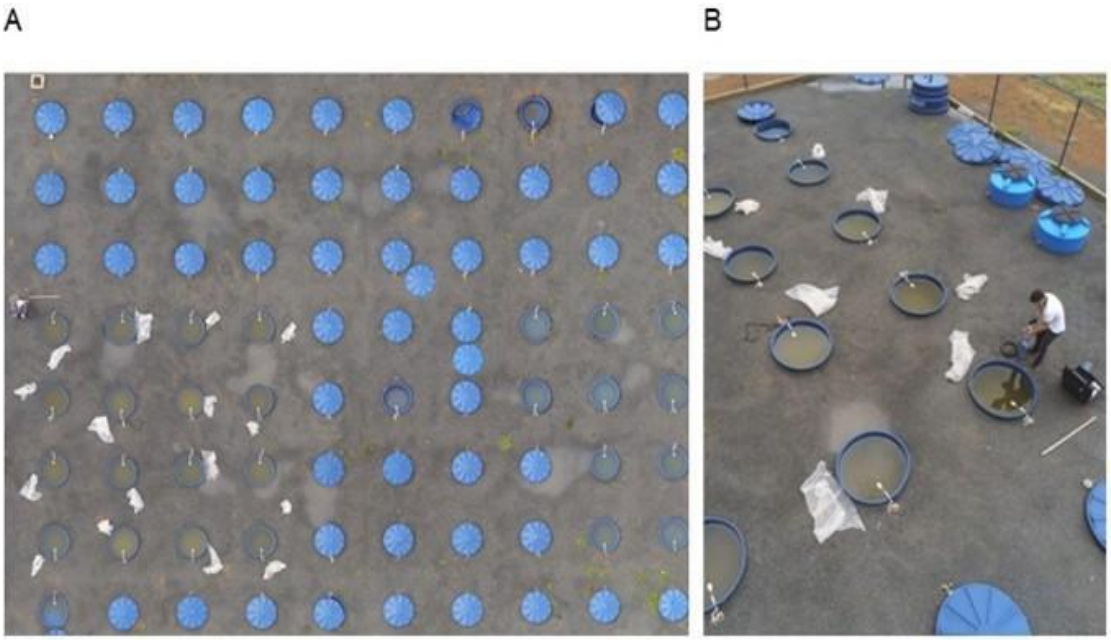


Fig. 3.8.5. Área Experimental em Ecologia Aquática da UEG com mesocosmos utilizados no experimento. Ver também animação do voo em https://www.youtube.com/watch?v=_VgjTWi0B9o

Como resultado, foram gerados 8 índices de vegetação e o índice que apresentou maior relação com a clorofila-a *in situ* foi o NGBDI - *Normalized Green Blue Difference Index* (Fig. 3.8.6). Portanto, o presente trabalho demonstrou que o

monitoramento do estado trófico de ambientes aquáticos por meio de VANT de baixo custo se mostrou eficiente e pode ser utilizado para pesquisa e gestão de ambientes aquáticos.

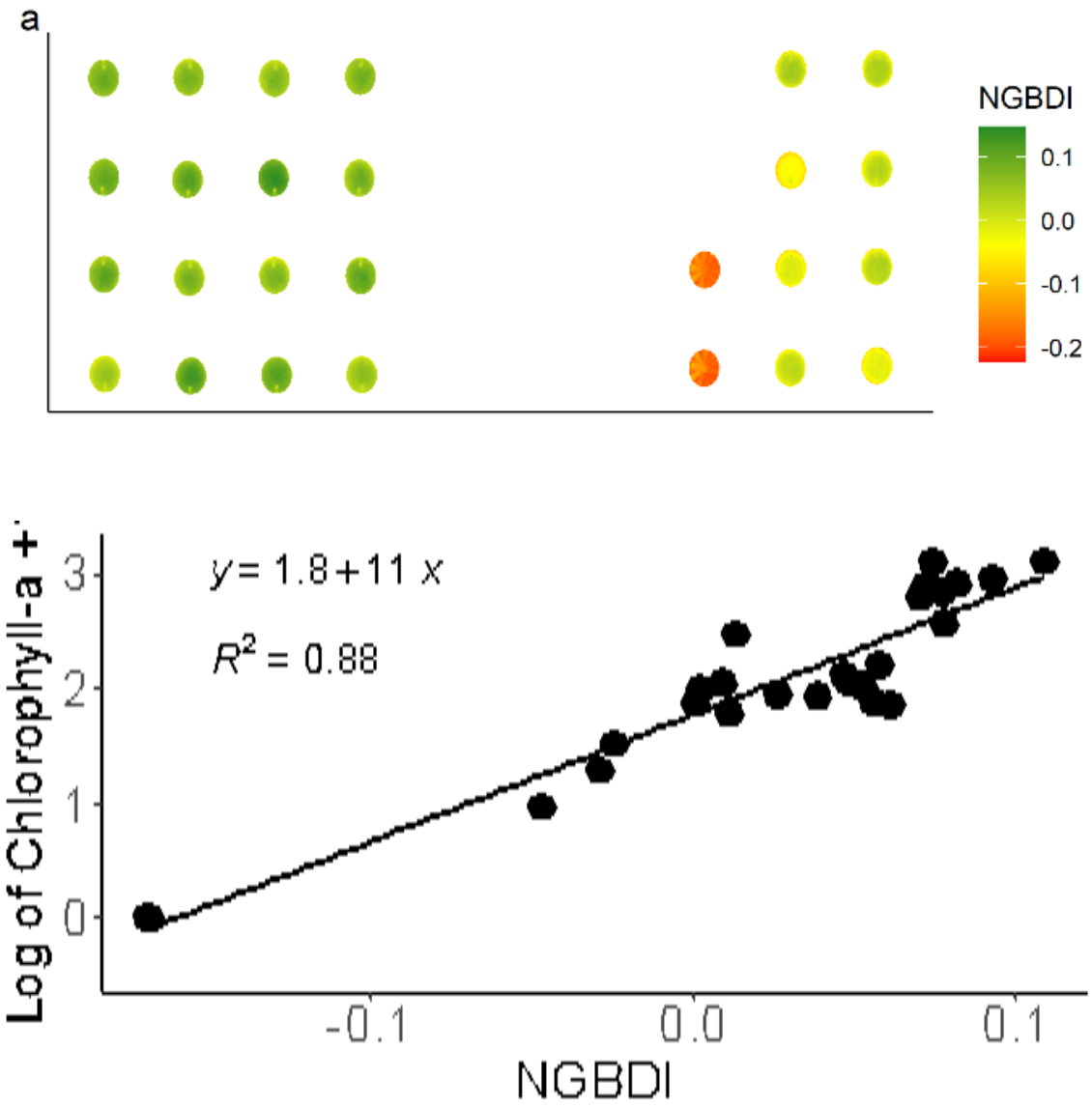


Fig. 3.8.6. Valores de NGBDI obtidos por sensores acoplados no VANT (A), e a relação positiva entre os valores do NGBDI com a clorofila-a registrada in-situ.

Estudo 03 - As pessoas são capazes de detectar a perda da qualidade da água? Experimento para avaliar a correlação entre percepção visual e eutrofização

Trabalho derivado da iniciação científica de Ana Clara Maciel David do curso de graduação em Ciências Biológicas da UEG, sob orientação de João Carlos Nabout. Neste trabalho utilizamos um experimento para avaliar a percepção visual das pessoas,

submetidas a ambientes aquáticos (mesocosmos) com diferentes estados tróficos. Os resultados dessa pesquisa foram publicados em Nabout et al. (2022). Esperamos que o aumento da eutrofização (indicada pela coloração esverdeada da água), seria percebida pela população, ocasionando desinteresse das pessoas e consequente perda do serviço ecossistêmico cultural da água. Foram selecionadas 100 pessoas voluntárias para conhecer a área experimental com os mesocosmos e responderem um questionário sobre sua percepção visual para cada mesocosmo. Foram utilizados seis mesocosmos com diferentes estados tróficos (Fig. 3.8.7). O projeto foi aprovado pelo comitê de ética da UEG (CEP 8113).

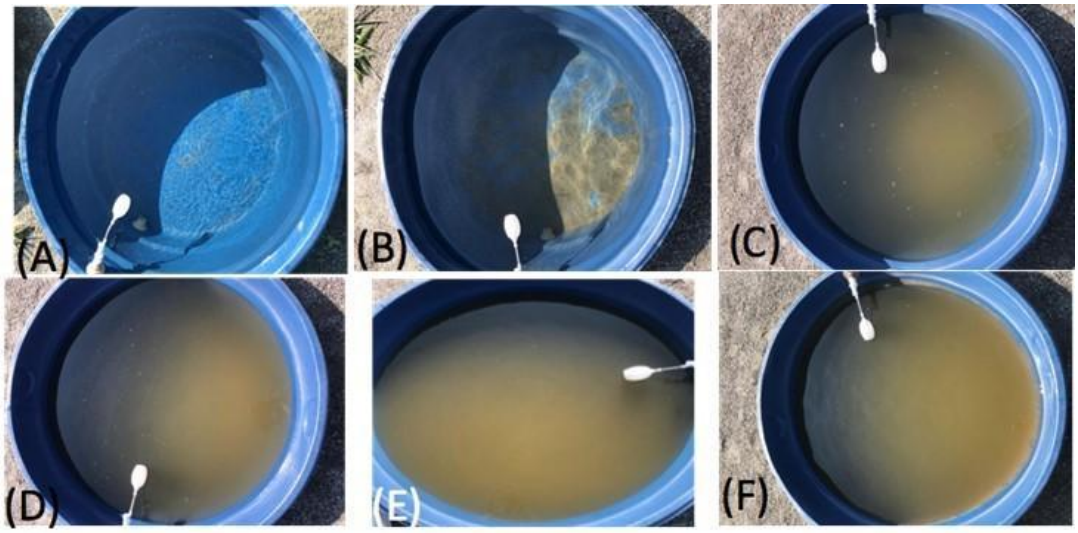


Fig. 3.8.7. Mesocosmos utilizados no experimento de percepção visual da qualidade da água.

Todos os participantes responderam seis questões sobre a qualidade água, e essas questões foram sintetizadas usando uma escala likert (1 até 5), no qual 1 indica total aprovação (p.ex. aprecia a água), até 5 que indica total desaprovação (desgosto com a água) (Fig. 3.8.8). A escala likert foi correlacionada com a concentração de clorofila-a para observar se a água com mais clorofila-a (menor qualidade de água) está relacionada com a percepção visual da população.

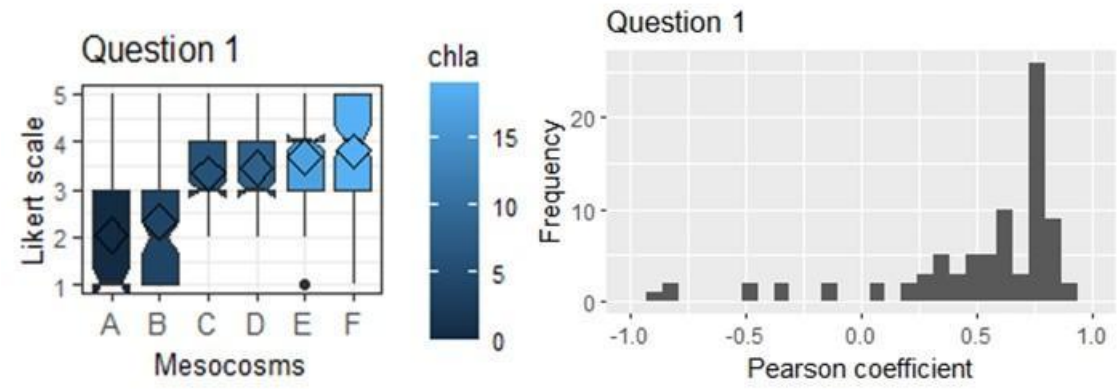


Fig. 3.8.8. Escala "likert" e correlação com a clorofila-a para as 100 pessoas que responderam a questão 01. A pergunta da questão era: "O que você sente ao ver essa água?". A figura a esquerda evidencia que em mesocosmos E e F (maior clorofila-a) a percepção sobre a perda da qualidade da água foi maior. A figura a direita, mostra um histograma com os valores de correlação de Pearson, indicando que a maioria da população foi capaz de detectar perda da qualidade da água, e sentem desaprovação da qualidade da água em ambientes eutrofizados.

Os resultados dessa pesquisa demonstram o potencial da percepção visual das pessoas para o monitoramento de ambientes aquáticos impactados pela eutrofização. Portanto, estratégias de monitoramento de ambientes aquáticos e mensagens de alerta podem ser utilizados considerando a percepção das pessoas. Por exemplo, estratégias de ciência cidadã e o uso de plataformas que integrem a sociedade e a ciência podem ser úteis no monitoramento de ambientes aquáticos.

Estudo 04 - Relação entre biodiversidade e funcionamento de ecossistemas

Trabalho derivado do Pós-Doutorado de Karine Borges Machado sob orientação de João Carlos Nabout. O objetivo da pesquisa foi avaliar experimentalmente a relação entre os componentes da biodiversidade (taxonômicos e funcionais) e o funcionamento dos ecossistemas aquáticos em ambientes impactados por um processo gradual de eutrofização com ocorrência de floração. Especificamente, objetivou-se: i. Caracterizar as métricas de diversidade taxonômica e funcional para as comunidades fitoplanctônicas nos ambientes eutrofizados e controle (sem eutrofização). ii. Investigar a variação nos componentes taxonômicos e funcionais da biodiversidade entre os ambientes eutrofizados e o controle. iii. Determinar a relação entre a biodiversidade e funcionamento dos ecossistemas (i.e. produtividade primária) e examinar como ela varia entre os ambientes eutrofizados e controle.

Foram identificadas 25 espécies fitoplanctônicas pertencentes a sete classes taxonômicas distintas: Bacillariophyceae, Chlorophyceae, Cyanophyceae,

Chryptophyceae, Dinophyceae, Euglenophyceae e Zygnemaphyceae. A eutrofização produziu efeitos sobre diferentes métricas de diversidade taxonômica das comunidades. A diversidade de Shannon e a equitabilidade de Pielou foram menores nos ambientes eutrofizados em relação ao ambiente controle. No entanto, não foram observados efeitos da eutrofização para a riqueza de espécies. A densidade e a composição de espécies também diferiram entre os ambientes eutrofizados e controle, com maiores valores de densidade e predomínio de cianobactérias nos mesocosmos eutrofizados. Além disso, foi observada a perda de espécies raras ao longo do tempo nos ambientes enriquecidos com nutrientes.

Em relação às métricas funcionais, as espécies apresentaram uma grande variação nos traços funcionais associados ao tamanho, como biovolume (controle = 2.372 μm^3 ± 7.278 μm^3; eutrófico = 9.357 μm^3 ± 30.446 μm^3), área de superfície (controle = 238 μm^2 ± 299 = μm^2, eutrófico = 1.686 μm^2 ± 5.257 μm^2) e máxima dimensão linear (controle = 14 µm ± 9 µm; eutrófico = 28 µm ± 57 µm). A maioria das espécies foi classificada como unicelular e sem mucilagem, tanto nos mesocosmos controle quanto naqueles eutrofizados. Por outro lado, espécies com característica de demanda por sílica e forma biológica colonial foram observadas apenas nos mesocosmos controle. Também foi observada uma alteração na composição dos traços funcionais ao longo do tempo entre os ambientes eutrofizados e controle. As espécies com maior biovolume tiveram suas densidades reduzidas em ambientes eutróficos. Além disso, uma maior densidade de espécies unicelulares e sem mucilagem foi observada nos mesocosmos eutrofizados, bem como espécies com maior área superficial e máxima dimensão linear. Por outro lado, as características funcionais como flagelo, sílica, aerótopos, mixotrofia, presença de mucilagem e as formas biológicas do tipo cenóbio, colônia e filamento apresentaram fraca associação com a eutrofização, indicando uma pequena resposta de espécies com esses tipos de características funcionais a enriquecimento de nutrientes. Os índices funcionais de riqueza (FRic), uniformidade (FEve) e divergência (FDiv) diferiram entre os ambientes eutrofizados e controle ao longo do tempo de experimento. De modo geral, os menores valores para estas métricas de diversidade funcional foram observados nos ambientes com enriquecimento de nutrientes.

Quando consideramos apenas o período final do experimento, foi observada uma relação entre a produtividade primária do fitoplâncton e todas as métricas taxonômicas e funcionais avaliadas. Para a riqueza de espécies, foi identificada uma relação positiva com a produtividade primária nos mesocosmos controle, mas negativa nos mesocosmos eutróficos (Fig 3.8.9A). Isso indica que a eutrofização promoveu uma redução na riqueza de espécies. Por outro lado, um aumento na diversidade de

Shannon e na uniformidade de Pielou estiveram associadas a uma maior produtividade primária tanto nos ambientes eutróficos como nos controles (Fig 3.8.9B e 3.8.9C). Para as métricas de diversidade funcional, foi observada uma relação negativa entre FRic e produtividade primária em ambientes controle e eutróficos (Fig. 3.8.10A). Para FEVE, foi observada uma relação positiva com a produtividade primária nos mesocosmos eutróficos e negativa no ambiente controle (Fig. 3.8.10B). Já para FDiv, a relação com a produtividade primária foi positiva em ambos os tratamentos (Fig. 3.8.10C).

Esses resultados indicam uma possível homogeneização na composição de espécies e seus traços funcionais (principalmente associados ao tamanho) nas comunidades eutrofizadas, com consequente redução na diversidade taxonômica e funcional. Além disso, foi observado o predomínio de cianobactérias em altas densidades em ambientes enriquecidos com nutrientes, o que pode comprometer a qualidade dos ecossistemas aquáticos. Estes resultados também permitem inferir que as métricas de biodiversidade são indicadores da produtividade primária dos ecossistemas aquáticos. Embora tenhamos encontrado resultados contrastantes entre as diferentes métricas (ou seja, relações tanto positivas como negativas), podemos indicar que essa relação é influenciada pelos níveis de eutrofização do ambiente para as métricas de riqueza taxonômica e uniformidade funcional. Para as demais métricas, observamos padrões de relação semelhante com a produtividade primária tanto nos ambientes controle como eutrofizados. Dessa forma, conclui-se que a eutrofização altera a composição e diversidade taxonômica e funcional do fitoplâncton, porém o efeito sobre a relação da biodiversidade com o funcionamento dos ecossistemas aquáticos depende da faceta da diversidade investigada. Considerando que o fitoplâncton exerce um papel importante na rede trófica dos ecossistemas aquáticos, como principal produtor primário, essas informações podem auxiliar para uma melhor compreensão dos processos ecológicos em locais que já foram impactados pelo enriquecimento por nutrientes.

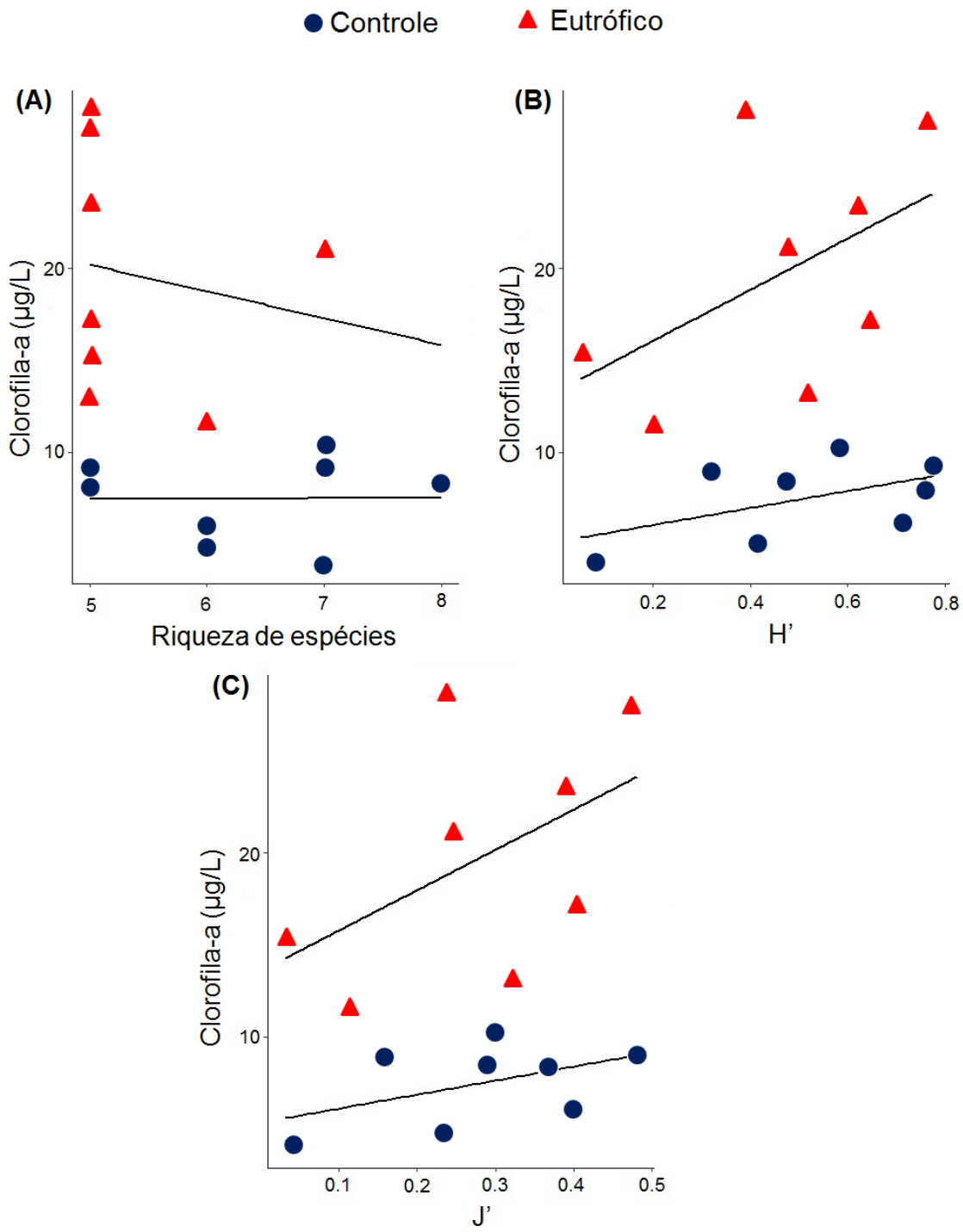


Figura 3.8.9. Relação entre as métricas taxonômicas da biodiversidade e produtividade primária (clorofila-a) avaliada por Análise de Covariância. H' = Diversidade de Shannon, J' = Equitabilidade de Pielou.

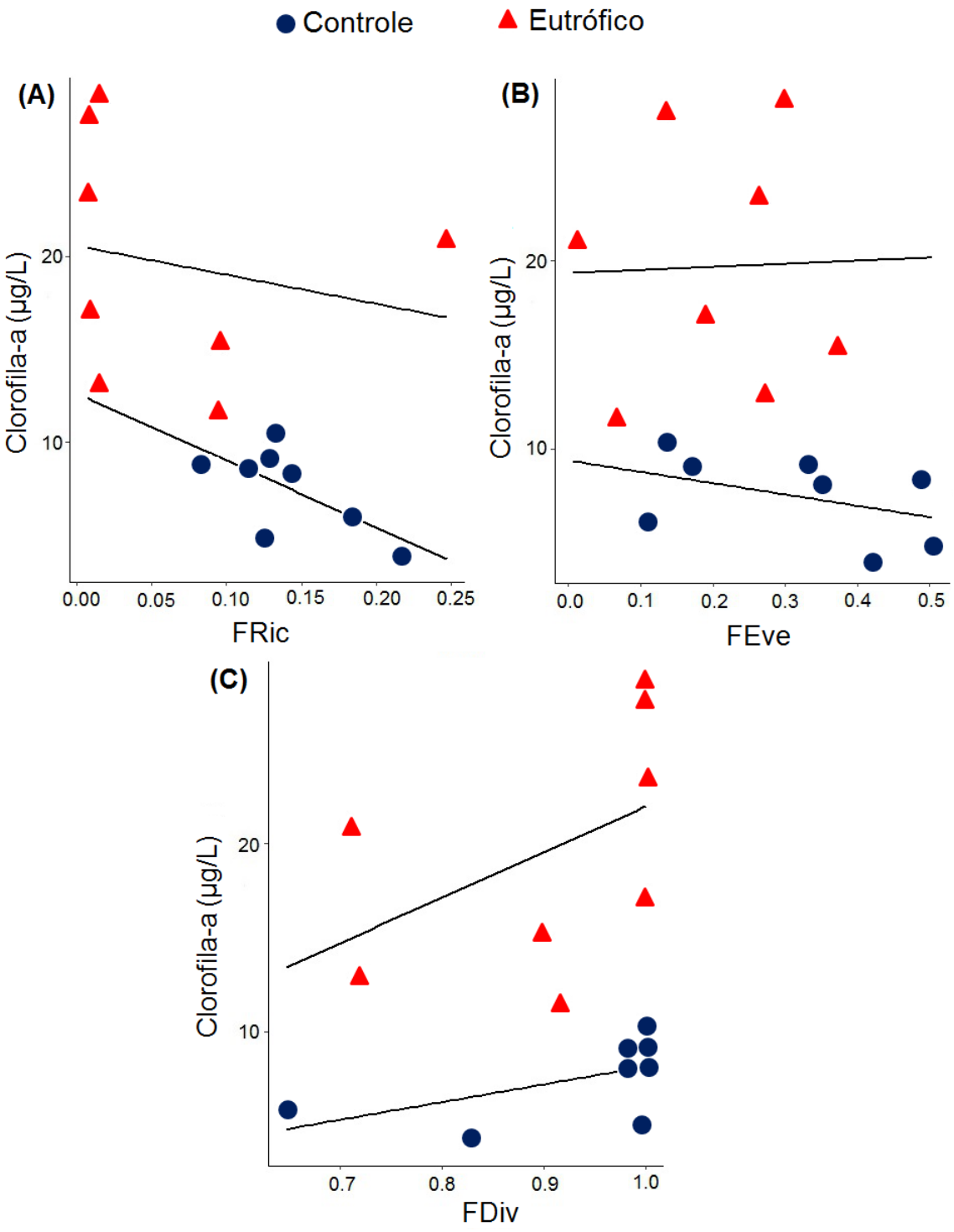


Figura 3.8.10. Relação entre as métricas funcionais da biodiversidade e produtividade primária (clorofila-a) avaliadas por Análise de Covariância. FRic = riqueza funcional, FEve = uniformidade funcional e FDiv = divergência funcional.

Efeitos da dispersão sobre a estruturação de metacomunidades

A dispersão de espécies é fundamental para entender a presença ou a ausência de uma espécie em determinados locais, pois uma espécie pode se dispersar para um local novo e colonizá-lo ou recolonizar um local onde a população original foi extinta. Como consequência, a dispersão reduz os efeitos da perda de espécies, seja por filtro ambiental ou estocasticidade demográfica, e aumenta a diversidade de organismos na comunidade. Investigamos como a dispersão molda a composição de espécies de zooplâncton por meio de mesocosmos aquáticos (caixas d'água 500 L; Fig. 3.8.11). O sistema experimental foi criado para efetivar dispersões unidirecionais controladas com intuito de avaliar se estas poderiam gerar efeitos de massa e resgate. Também avaliamos se a ausência de dispersão poderia causar deriva ecológica e consequente redução de riqueza de espécies. Para avalaiar o efeito da dispersão sobre a estrutura das metacomunidades aquáticos, nós utilizados dois estudos, descritos a seguir.

Estudo 01 - Efeitos de dispersão de diferentes habitats sobre a estrutura de comunidades

Trabalho derivado da dissertação de Gustavo L. Villarreal, defendida em 2020, no PPG Ecologia & Evolução da Universidade Federal de Goiás sob orientação de Adriano Sanches Melo.

Criamos 10 conjuntos de quatro mesocosmos. Três mesocosmos receberam água de uma lagoa (A) e outro de lagoa com composição de espécies e condições ambientais parcialmente distintas (B). Em cada conjunto, uma das caixas que recebeu água da primeira lagoa e a caixa da segunda lagoa não receberam dispersores (A0 e B0). As outras duas caixas (AA e AB) receberam dispersores vindos de caixa com a mesma origem de água (A0) ou de outra origem (B0). Foram feitas amostragens antes e após três eventos de dispersão (transferência de 5 L de água) ao longo de 3 meses.

As amostras obtidas nas duas coletas iniciais, antes do evento de dispersão, mostraram que as faunas das duas lagoas eram distintas em composição e abundância relativa. Conforme o esperado, as caixas com água da lagoa A e que receberam dispersores de caixa com água da lagoa B (AB) tenderam a semelhança intermediária com suas fontes originais (Fig. 3.8.12). Caixas que não receberam dispersores tenderam a perder espécies com o tempo (deriva ecológica em caixas A0 e B0; Fig. 3.8.13). Caixas que receberam dispersores da mesma origem deixaram de perder espécies após os eventos de dispersão (efeito resgate em caixas AA), enquanto aquelas

que receberam dispersores de outra origem passaram a acumular mais espécies (efeito de massa; em caixas AB; Fig. 3.8.13). Em relação à dissimilaridade entre caixas com o mesmo tratamento, aquelas que não receberam dispersores tenderam a ficar cada vez mais diferentes devido à extinção diferencial em cada caixa (Fig. 3.8.14). A dissimilaridade foi mantida em caixas que receberam migrantes.

Nossos resultados demonstram claramente o efeito de dispersão sobre a estruturação de comunidades. Comunidades isoladas tendem a perder espécies com o tempo. Entretanto, diferentes espécies são perdidas em cada caixa (deriva ecológica) fazendo com que as comunidades se diferenciem no tempo (aumento de diversidade beta). Caixas que receberam dispersores da mesma fonte da comunidade deixaram de perder espécies, indicando que espécies extintas ou com tendência de extinção no local podem ser repostas por dispersão (efeito resgate). Finalmente, dispersão originária de outra fonte de espécies incluem espécies não presentes originalmente, aumentando a riqueza de espécies. Mesmo que tais espécies sejam pouco adaptadas às condições locais, o contínuo fluxo de dispersores é capaz de manter tais espécies no local (efeito de massa).



Fig. 3.8.11. Sistema experimental do EECBio com 80 caixas d'agua de 500 L instaladas no campus da Universidade Estadual de Goiás, Anápolis, GO. As caixas foram soterradas para evitar aquecimento. As caixas estão recobertas com tela para impedir entrada de animais e proliferação de mosquitos. Os canos postos verticalmente ao lado de caixa são usados para mistura da água e ressuspensão do plâncton. O experimento utilizou 40 caixas.

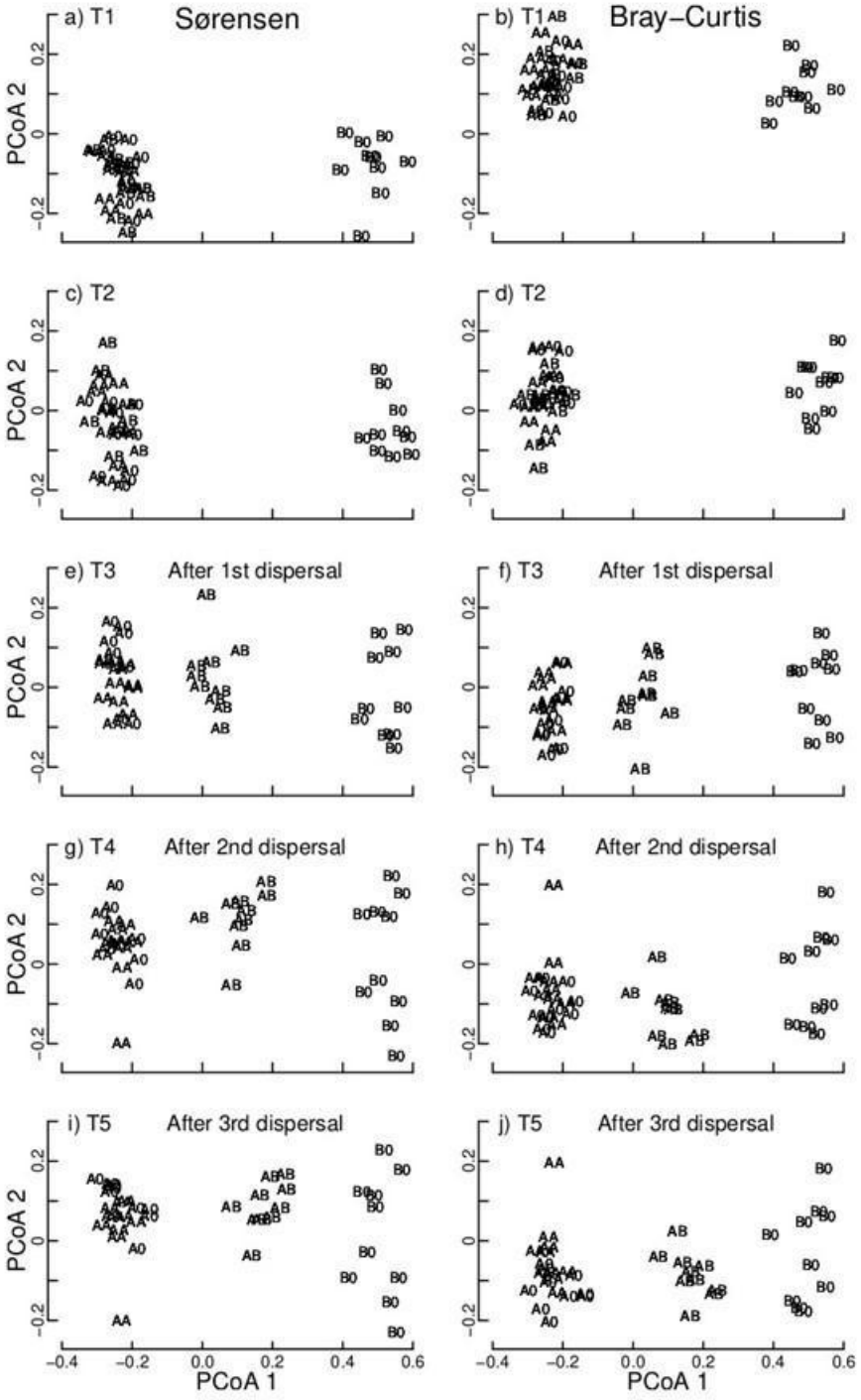


Fig. 3.8.12. Análise de Coordenadas Principais (PCoA) com dados de presença/ausência e de abundância de zooplâncton nos cinco eventos de coleta em caixas d'água. A análise foi feita com dados de todos os eventos de coleta, mas são mostradas separadamente para facilitar a compreensão. Caixas A0 e B0 não receberam dispersores. Caixas AA receberam dispersores de caixas A0 e ambas receberam água e zooplâncton da mesma origem (lagoa). Caixas AB foram preenchidas inicialmente com água e zooplâncton de uma lagoa e posteriormente receberam dispersores de caixas preenchidas com água de outra origem (caixas B0).

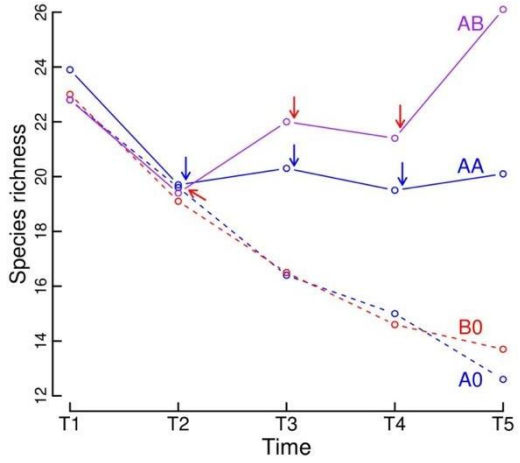


Fig. 3.8.13. Riqueza de espécies de zooplâncton ao longo do tempo em caixas com e sem dispersão. Setas indicam eventos de dispersão, feitos imediatamente após a coleta. Tratamentos A0, B0, AA e AB são descritos na legenda da Fig. 3.8.2.

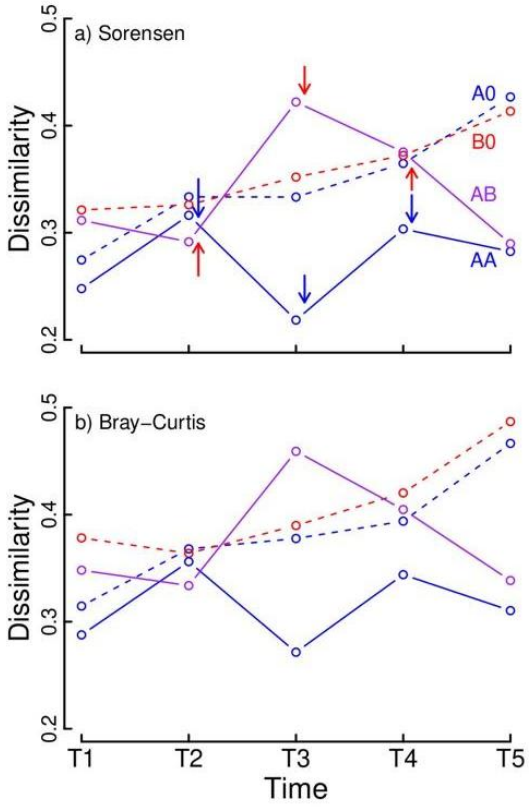


Fig. 3.8.14. Dissimilaridade em composição (a) e abundância relativa (b) entre caixas dentro do mesmo tratamento. Tratamentos A0, B0, AA e AB são descritos na legenda da Fig. 3.8.2.

Estudo 02 - Efeitos de dispersores de diferentes fontes sobre a variação de comunidades no tempo

Este estudo faz parte da tese do doutorando Raúl García-Ríos, orientado por Adriano Sanches no PPG Ecologia e Evolução da Universidade Federal de Goiás.

Este estudo usa dados de zooplâncton descritos no estudo anterior, que avaliou efeitos de dispersores de diferentes fontes sobre a variação espacial entre comunidades. Neste novo estudo, o enfoque é sobre a variação no tempo. No estudo anterior, as comparações foram feitas sempre entre comunidades. Neste novo estudo as comparações são sempre feitas entre eventos de coleta de uma mesma comunidade. Especificamente, contrasta-se a amostragem inicial, antes de eventos de dispersão, com aqueles obtidos após eventos de dispersão.

Encontramos que a abundância de comunidades variou no tempo de maneira distinta entre comunidades isoladas e aquelas que receberam dispersores (Anova de medidas repetidas; Interação: $F_{12,144}$ = 5.677, P < 0.001). Comunidades isoladas tenderam a perder indivíduos com o tempo (Fig. 3.8.15). A dispersão de fonte similar em composição de espécies (Aa) manteve estável a abundância local, enquanto dispersão de outro habitat aumentou a abundância com o tempo (Fig. 3.8.15).

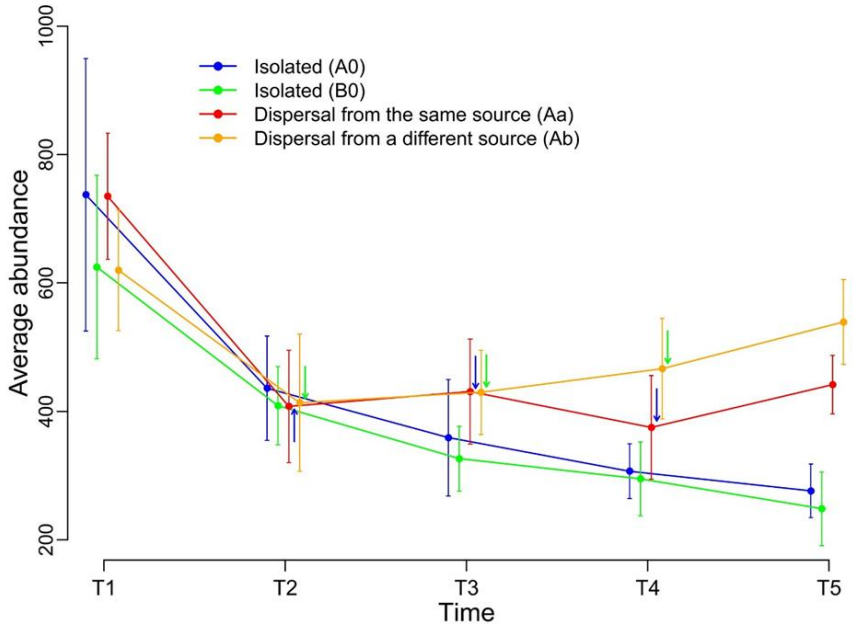


Fig. 3.8.15. Variação temporal na abundância de zooplâncton (média ± desvio padrão) de comunidades isoladas (A0, B0) e conectadas por dispersão de mesmo (Aa) ou diferente habitat (Ab). Setas indicam eventos de dispersão.

Em comunidades isoladas, a riqueza local de espécies tendeu a decrescer com o tempo e isto também aconteceu com a riqueza regional (Fig. 3.8.16). Em comunidades que receberam dispersores do mesmo pool de espécies (aa), as riquezas local e regional ficaram estáveis enquanto no tratamento com dispersores de outro pool passaram a acumular mais espécies com o tempo (Fig. 3.8.16).

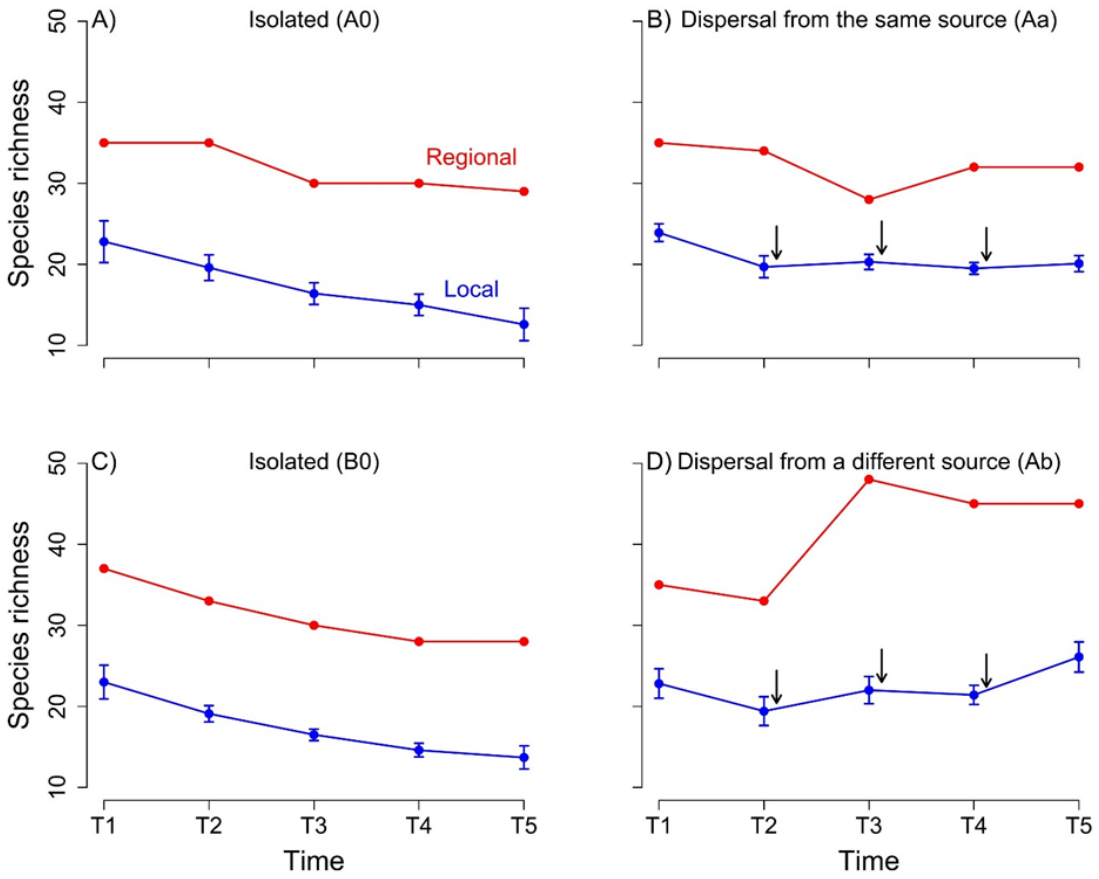


Fig. 3.8.16. Variação na riqueza local e regional de zooplâncton ao longo do tempo em comunidades isoladas (A0, B0) e conectadas por dispersão do mesmo (Aa) ou diferente habitat (Ab). Setas indicam eventos de dispersão.

A diversidade beta (Sorensen), medida entre a primeira amostra e amostras subsequentes na mesma comunidade, mostrou aumento no tempo (Fig. 3.8.17). Este aumento foi causado tanto por substituição (turnover) quanto por perda de espécies (nestedness). A dispersão do mesmo habitat reduziu um pouco a diversidade beta em relação aos tratamentos isolados e a variação encontrada foi devida principalmente ao componente de substituição. No tratamento que recebeu dispersores de outro habitat, a diversidade beta foi bastante alta e foi causada principalmente por substituição, com reposição das espécies originais extintas por aquelas vindas por dispersão (Fig. 3.8.17.

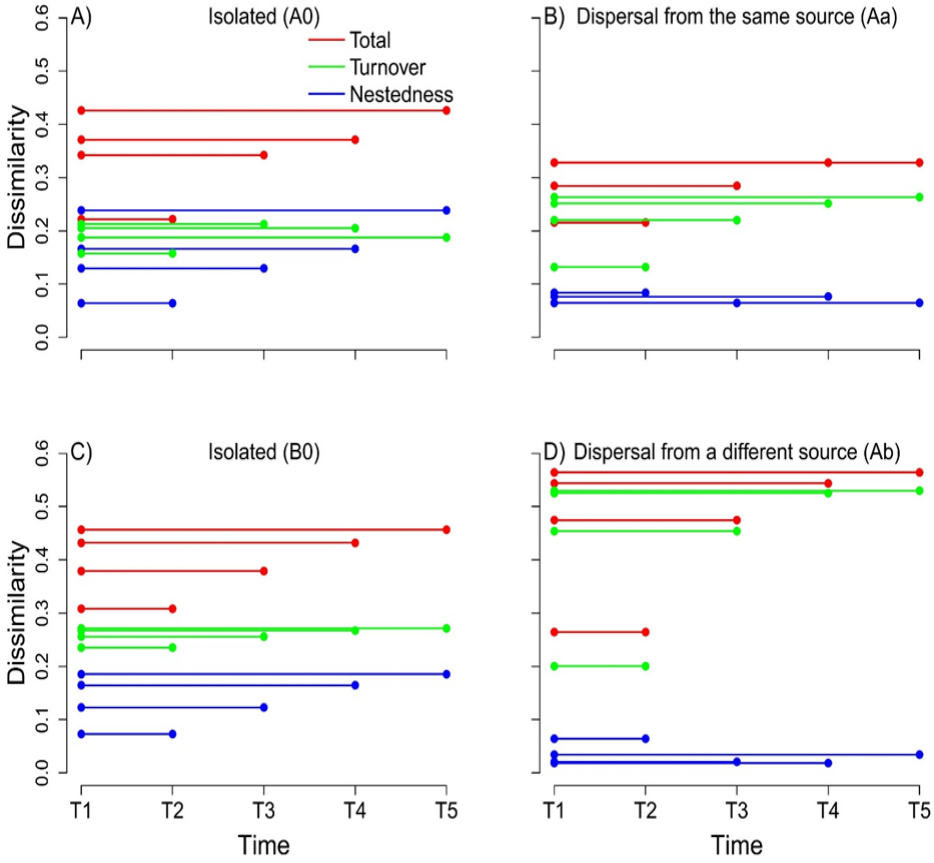


Fig. 3.8.17. Diversidade beta temporal com índice de dissimilaridade de Sorensen e seus componentes de substituição (turnover) e aninhamento (nestedness) em comunidades de zooplâncton. T1-T5 indicam amostragens.

Teste experimental dos efeitos da posição em redes espaciais dendríticas sobre a estrutura de comunidades aquáticas.

Trabalho derivado da tese de Amanda C.F. Queiroz, defendida em 2022, no PPG Ecologia e Conservação da Biodiversidade da Universidade Federal de Mato Grosso sob orientação de Adriano Sanches Melo. Cursos d´água em bacias hidrográficas possuem configuração dendrítica, onde um par de riachos formam curso d´água maior. É uma configuração espacial interessante pois pode auxiliar na compreensão de como o contexto espacial e o fluxo de dispersão rio-abaixo afetam a dinâmica de metacomunidades e suas comunidades componentes. Avaliamos a influência da posição de manchas (ou comunidades) dentro de redes dendríticas na estruturação de metacomunidades usando mesocosmos experimentais com assembléias zooplanctônicas. As redes foram replicadas 10 vezes e cada rede incluiu 8 comunidades (Fig. 3.8.18)

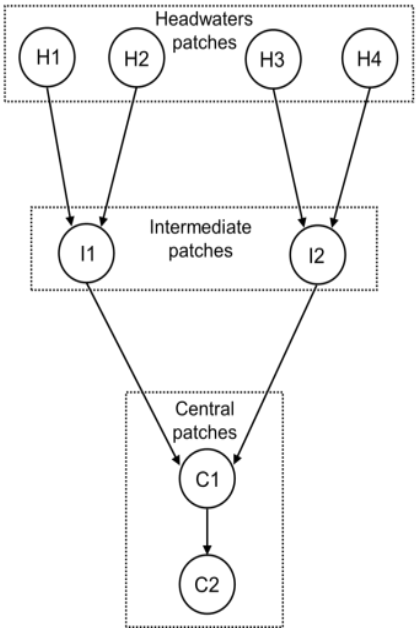


Fig. 3.8.18. Sistema de metacomunidade experimental em formato dendrítico, onde a dispersão acontece em sentido único, das cabeceiras para a mancha mais central.

Hipotetizamos que manchas centrais de diferentes redes apresentariam alta similaridade entre si, uma vez que apresentam mais conexões e recebem alto fluxo de dispersores, o que homogeneizaria a composição de espécies em localidades centrais. Por outro lado, manchas de cabeceira de diferentes redes seriam menos semelhantes entre si (maior diversidade beta) devido ao isolamento que essas manchas apresentam dentro do sistema dendrítico, o que reduz a recolonização após a extinção local de uma espécie. Da mesma forma, também hipotetizamos maior riqueza de espécies em manchas mais conectadas do que em cabeceiras isoladas. Finalmente, analisamos as comunidades quanto à variação temporal, esperando uma diminuição na riqueza de espécies com o tempo devido a extinções estocásticas.

O fluxo de dispersores na rede foi simulado por eventos de transferência de água com balde. Nesta rede, duas caixas (cabeceiras) cederam água com dispersores para uma terceira caixa (mancha intermediária) (Fig. 3.8.18). Esta caixa intermediária e outra na mesma situação cederam água para uma mancha central (C1), que por sua vez cedeu dispersores para outra rio-abaixo (C2) (Fig. 3.8.18). As caixas foram preenchidas com água vinda de lagoa por meio de caminhão pipa e deixadas por duas semanas para estabilização da comunidade. Quatro eventos de dispersão, a cada 14 dias, foram efetivados sempre no sentido montante para jusante (Fig. 3.8.18) por meio de transferência de 5 L de água (1% das caixas). As amostragens ocorreram 14, 42 e 70 d

após o enchimento das caixas. A primeira amostragem ocorreu antes de evento dispersão, enquanto as outras duas após eventos de dispersão

O estudo incluiu 62.504 indivíduos e 31 espécies (Testaceae [4], Copepoda [3], Cladocera [7] e Rotifera [17 espécies]). A riqueza rarefeita de espécies não foi afetada pela interação entre posição e tempo na rede (rmAnova, $F_{6,54}$ = 1,32; p = 0,262). A posição dos mesocosmos na rede não afetou a riqueza de espécies ($F_{3,27}$ = 0,48; p = 0,698; Fig. 3.8.16). O efeito do tempo foi importante ($F_{2,18}$ = 19,97; p < 0,001), com uma diminuição consistente na riqueza de espécies em todos as posições da rede (Fig. 3.8.19).

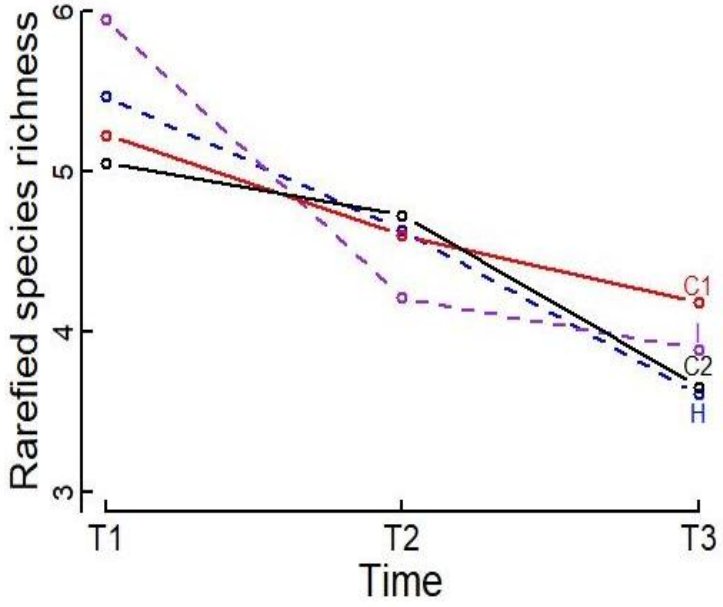


Fig. 3.8.19. Médias de riqueza rarefeita de espécies em caixas em posição de cabeceira (H), intermediária (I) e Centrais (C1 e C2) ao longo do tempo (1 = antes de eventos de dispersão; 2-3 após eventos de dispersão).

Fizemos análises multivariadas utilizando os índices de Sørensen e Bray-Curtis, que mostraram resultados semelhantes e, portanto, apresentamos apenas os resultados das análises com o índice de Bray-Curtis. A ordenação com PCoA não mostrou uma distinção clara dos mesocosmos em relação ao fator de posição (Fig. 3.8.20) dentro de cada evento de amostragem, mas indicou uma estrutura de comunidade distinta entre os eventos no tempo, particularmente entre aqueles antes (tempo 1) e depois dos eventos de dispersão (tempos 2 e 3). Uma Manova baseada em distâncias confirmou que as comunidades diferiram no tempo ($F_{2,134}$ = 43,48; p < 0,001), mas não entre as posições ($F_{3,131}$ = 1,09; p = 0,356; Fig. 3.8.17). A diversidade beta não diferiu entre as posições na rede (Análise PermDisp: $F_{2,131}$ = 0,94, p = 0,421).

Entretanto, a variação da comunidade (diversidade beta) diferiu entre os eventos temporais ($F_{2,132}$ = 92,84, p < 0,001), com aumento da diversidade beta ao longo do experimento (Fig. 3.8.21).

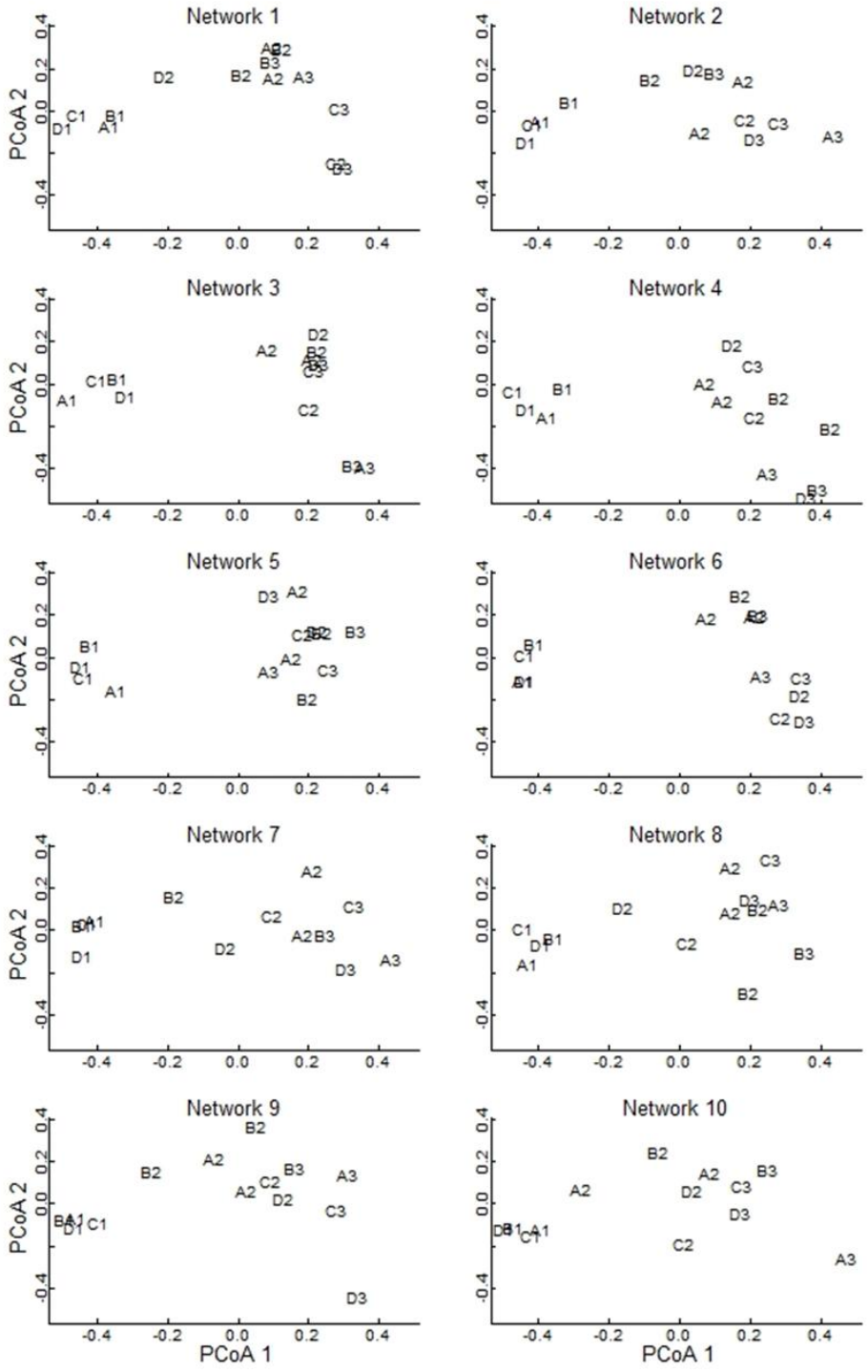


Fig. 3.8.20. Análise de Coordenadas Principais (PCoA) de comunidades zooplanctonicas usando dissimilaridade de Bray-Curtis (abundância com transformação de Hellinger). A = caixas que apenas cederam dispersores (cabeceiras). B = caixas intermediárias. C e D indicam caixas centrais. Números indicam amostragens em três tempos de amostragem (1 = antes de eventos de dispersão; 2-3 após eventos de dispersão).

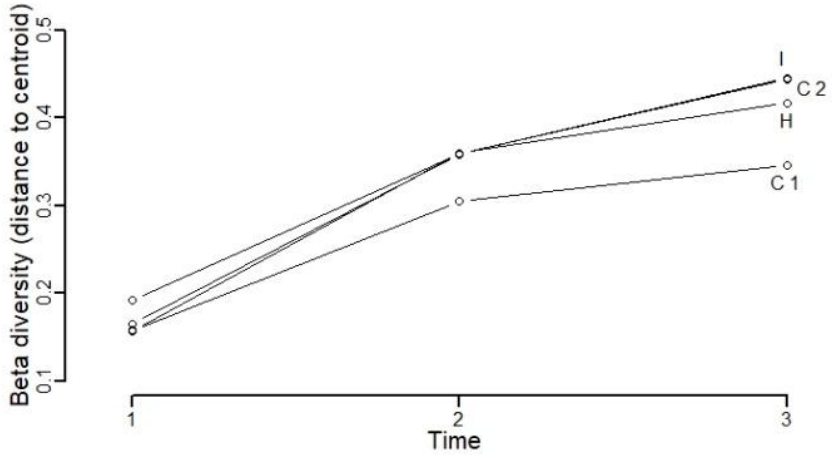


Fig. 3.8.21. Diversidade beta estimada como distância de cada comunidade ao centroide de seu grupo (Análise PermDisp). Grupos foram feitos pela combinação de posição (cabeceira (H), intermediária (I) e Centrais (C1 e C2)) ao longo de 3 tempos de amostragem (1 = antes de eventos de dispersão; 2-3 após eventos de dispersão).

Nossos resultados indicam efeitos claros do período de amostragem, com diminuição da riqueza de espécies com o tempo e mudanças na estrutura da comunidade, principalmente entre o evento amostral antes (tempo 1) e as duas amostragens após as dispersões (tempos 2 e 3). Por outro lado, a posição na rede não causou efeitos na riqueza de espécies e na estrutura da comunidade. Da mesma forma, a diversidade beta entre as manchas não diferiu entre as posições na rede, mas tendeu a aumentar com o tempo. De maneira geral, os resultados quanto ao fator tempo deram suporte às previsões feitas. Entretanto, as previsões quanto ao efeito do posicionamento na rede não tiveram suporte empírico.

Efeito das cinzas provenientes das queimadas no Cerrado sobre a comunidade fitoplanctônica e floração de algas

Trabalho derivado da dissertação de Gabriel de Jesus, defendida em 2023, no PPG Ecologia & Evolução da Universidade Federal de Goiás sob orientação de Jascieli Bortolini.

Dentre as principais ameaças à biodiversidade estão as queimadas antrópicas. No entanto, estudos sobre os efeitos indiretos das queimadas sobre os ecossistemas aquáticos são escassos. Por isso, nós investigamos por meio de um estudo experimental como a qualidade da água e a estrutura da comunidade fitoplanctônica pode ser afetada pela presença de cinzas provenientes de queimadas do Cerrado brasileiro. Nós esperamos que a presença das cinzas na água altere as concentrações

de nutrientes, especialmente fósforo, aumente a turbidez e eleve os níveis de acidez da água, afetando a composição, riqueza e abundância do fitoplâncton.

Nós montamos um experimento em microcosmos para simular o ambiente aquático com diferentes cenários de concentrações de cinzas, e avaliamos ao longo do tempo as condições abióticas, composição, riqueza e densidade fitoplanctônica. A coleta das cinzas que foram utilizadas no experimento foi realizada na área do Parque Altamiro de Moura Pacheco (PEAMP), após um grande evento de queimada em 2021. A água contendo o fitoplâncton utilizada no experimento foi coletada em um lago situado na Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO. O experimento durou 20 dias e quatro níveis do fator de estudo, com quatro réplicas cada, foram estabelecidos: controle (C) = 0 mg de cinzas/L, T1 = 5 mg de cinzas /L, T2 = 10 mg de cinzas/L e T3 = 20 mg de cinzas/L. Para avaliar os dados, nós usamos uma análise de Escalonamento Multidimensional Não-Métrico (NMDS) para sumarizar os dados de composição e densidade dos táxons fitoplanctônicos e Análises de Variância com medidas repetidas (ANOVA-rm) para testar se as variáveis abióticas, riqueza total de espécies, densidade total de espécies e de grupos taxonômicos e os eixos da NMDS diferiram entre os tratamentos (Controle, T1, T2 e T3) e ao longo do tempo de amostragem (dias 0, 4, 8, 12, 16 e 20).

Os resultados da ANOVA-rm aplicados aos dados abióticos demonstram que a inserção de cinzas no ambiente aquático promoveu alterações na qualidade da água (Tabela 3.8.1, Figuras 3.8.22 e 3.8.23). Nós detectamos um aumento nas concentrações de fósforo total, nitrogênio amoniacal, bem como alterações na condutividade elétrica após a inserção das cinzas. Em relação à comunidade fitoplanctônica, nós identificamos mudanças na composição da comunidade entre os diferentes tratamentos com adição de cinzas. No entanto, não identificamos alterações na riqueza e densidade (Tabela 3.8.2, Figuras 3.8.24, 3.8.25 e 3.8.26).

Tabela 3.8.1. Efeitos da presença de cinzas e tempo de amostragem em variáveis abióticas e nutrientes totais e dissolvidos avaliadas usando Análise de Variância com medidas repetidas (valores significativos são destacados em negrito).

Variável Resposta	**Tratamento**		**Tempo**		**Interação Tratamento x Tempo**	
	F	***p***	**F**	***p***	**F**	***p***
Temperatura	0,471	0,710	**478,867**	**<0,01**	1,874	0,053
Condutividade elétrica	**110,366**	**<0,001**	**484,292**	**<0,01**	**19,148**	**<0,01**
pH	0,806	0,521	**78,825**	**<0,01**	0,805	0,666
Turbidez	1,292	0,340	**7,428**	**<0,01**	0,470	0,944
PT	**8,712**	**0,005**	**22,959**	**<0,01**	**2,743**	**0,020**
Ortofosfato	1,261	0,345	**11,509**	**<0,01**	1,202	0,334
Nitrato	3,224	0,075	**11,002**	**<0,01**	1,483	0,204
N_amoniacal	**10,061**	**0,003**	2,062	0,176	1,677	0,144

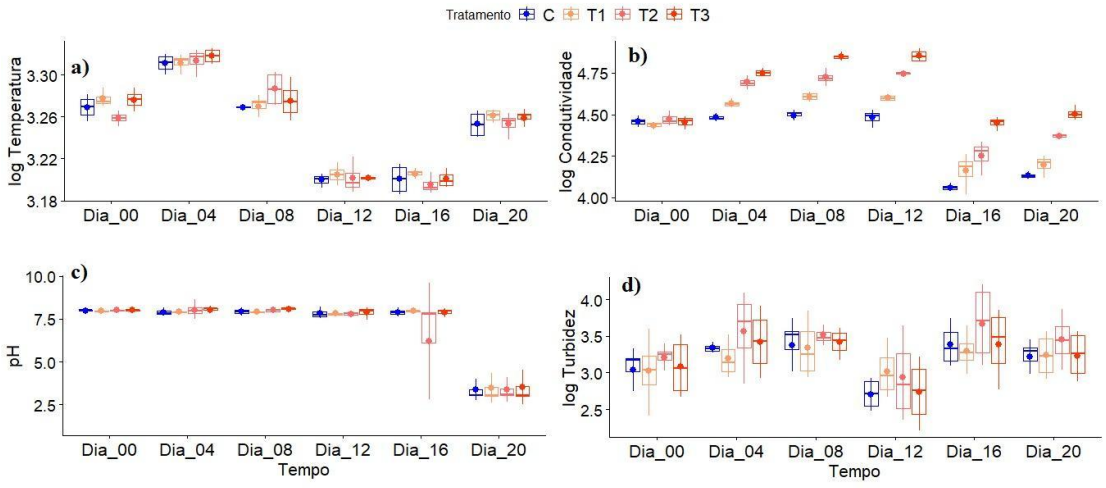


Figura 3.8.22 Variação temporal dos valores médios para temperatura (a), condutividade elétrica (b), pH (c) e turbidez (d) para os tratamentos controle, T1, T2 e T3, considerando os eventos de amostragem. Caixas retangulares representando o intervalo de dados. Linha horizontal representando a mediana do conjunto de dados. Círculos representando a média do conjunto de dados. Linhas verticais representando o desvio padrão.

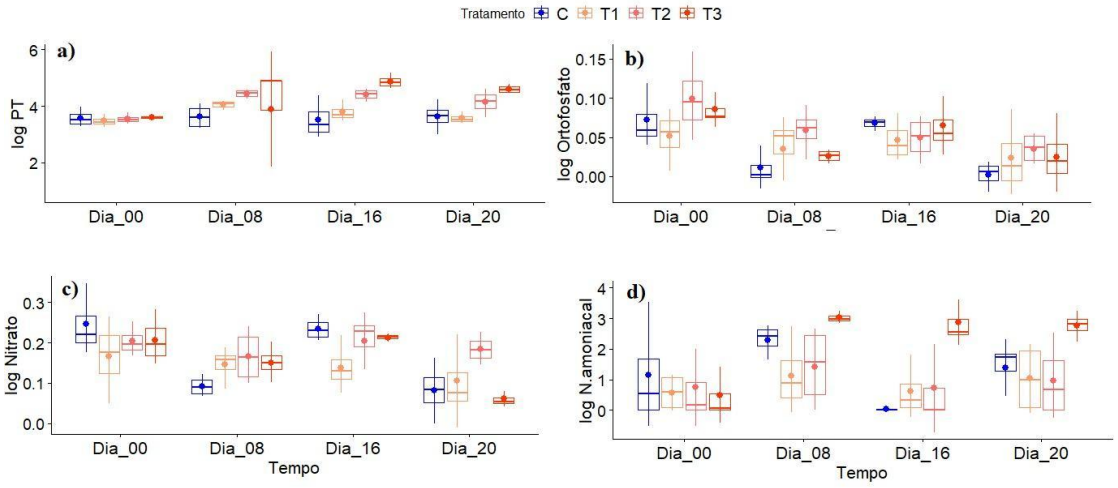


Figura 3.8.23 Variação temporal dos valores médios para fósforo total (a), ortofosfato (b), nitrato (c) e nitrogênio amoniacal (d), para os tratamentos controle, T1, T2 e T3, considerando os eventos de amostragem. Caixas retangulares representando o intervalo de dados. Linha horizontal representando a mediana do conjunto de dados. Círculos representando a média do conjunto de dados. Linhas verticais representando o desvio padrão.

Tabela 3.8.2 Efeitos da presença de cinzas e tempo de amostragem na comunidade fitoplanctônica (riqueza, densidade, NMDS) usando Análise de Variância com medidas repetidas, considerando os valores de F e p.

	Tratamento		**Tempo**		**Interação Tratamento x Tempo**	
	F	***p***	**F**	***p***	**F**	***p***
			Riqueza			
log Riqueza total	0,171	0,827	**4,120**	**0,015**	0,363	0,982
log Diatomáceas	0,530	0,673	2,735	0,060	0,668	0,801
log Algas verdes	0,494	0,695	**3,793**	**0,020**	0,884	0,586
log Desmídias	1,075	0,408	**29,403**	**<0,001**	0,509	0,923
log Cianobactérias	0,887	0,484	1,322	0,307	1,135	0,355
log Euglenofíceas	0,255	0,856	1,501	0,248	0,557	0,891
log grupo Outros	0,220	0,880	0,845	0,539	0,922	0,547
			Densidade			
log Densidade total	0,,325	0,808	**41,921**	**<0,01**	1,200	0,307
log Diatomáceas	1,088	0,403	**63,710**	**<0,01**	1,060	0,417
log Algas verdes	0,085	0,966	**3,191**	**0,037**	1,218	0,294
log Desmídias	1,290	0,336	**18,684**	**<0,01**	0,866	0,604
log Cianobactérias	1,001	0,436	**32,461**	**<0,01**	1,316	0,233
log Euglenofíceas	0,832	0,509	2,259	0,102	0,813	0,658
log grupo Outros	0,220	0,880	0,845	0,539	0,880	0,547
			NMDS			
NMDS 1 densidade	0,364	0,781	**49,301**	**<0,01**	0,381	0,978
NMDS 2 densidade	0,233	0,871	**14,449**	**<0,01**	0,742	0,73
NMDS 1 presença-ausência	**5,240**	**0,023**	**33,520**	**<0,01**	0,651	0,816
NMDS 2 presença-ausência	0,411	0,749	**9,051**	**<0,01**	1,527	0,136

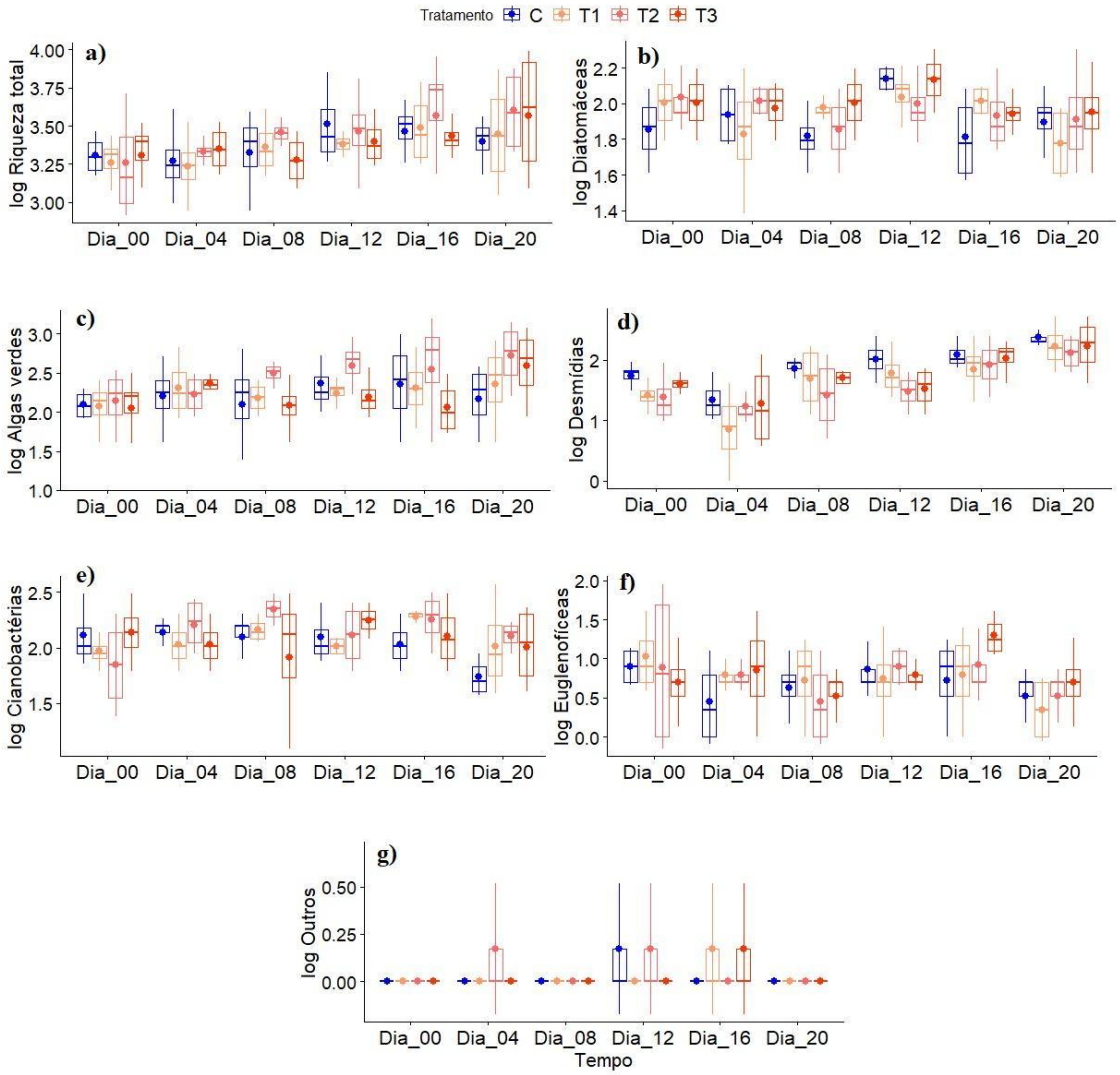


Figura 3.8.24. Variação temporal dos valores médios da riqueza (log+1) de espécies encontradas no decorrer do experimento, separadas em riqueza total (a), diatomáceas (b), algas verdes (c), desmídias (d), cianobactérias (e), euglenofíceas (f) e outros (g) para os tratamentos controle, T1, T2 e T3, considerando os eventos de amostragem.

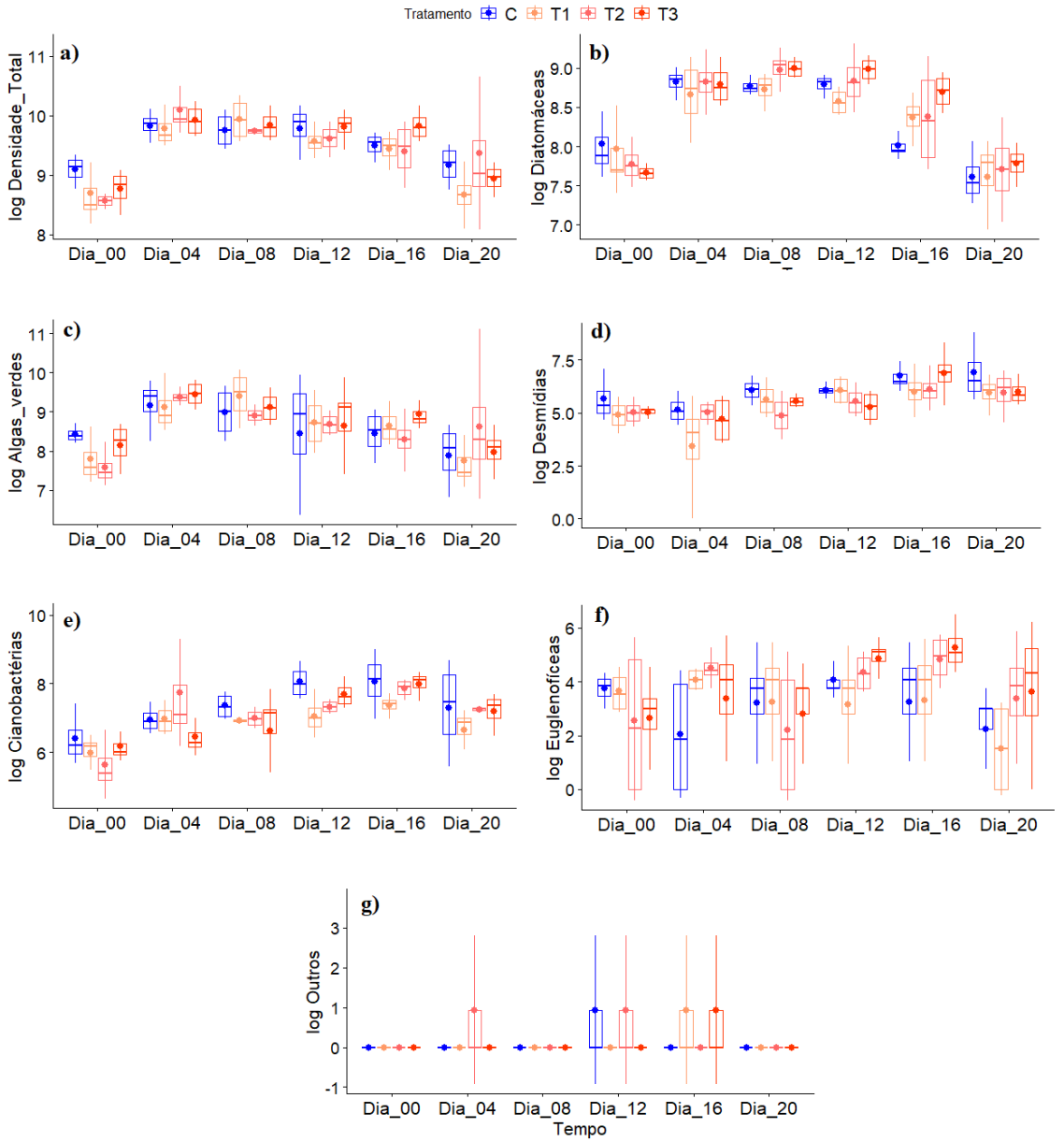


Figura 3.8.25. Variação temporal dos valores médios da densidade (log+1) de espécies encontradas no decorrer do experimento, separadas em densidade total (a), diatomáceas (b), algas verdes (c), desmídias (d), cianobactérias (e), euglenofíceas (f) e outros (g) para os tratamentos controle, T1, T2 e T3, considerando os eventos de amostragem.

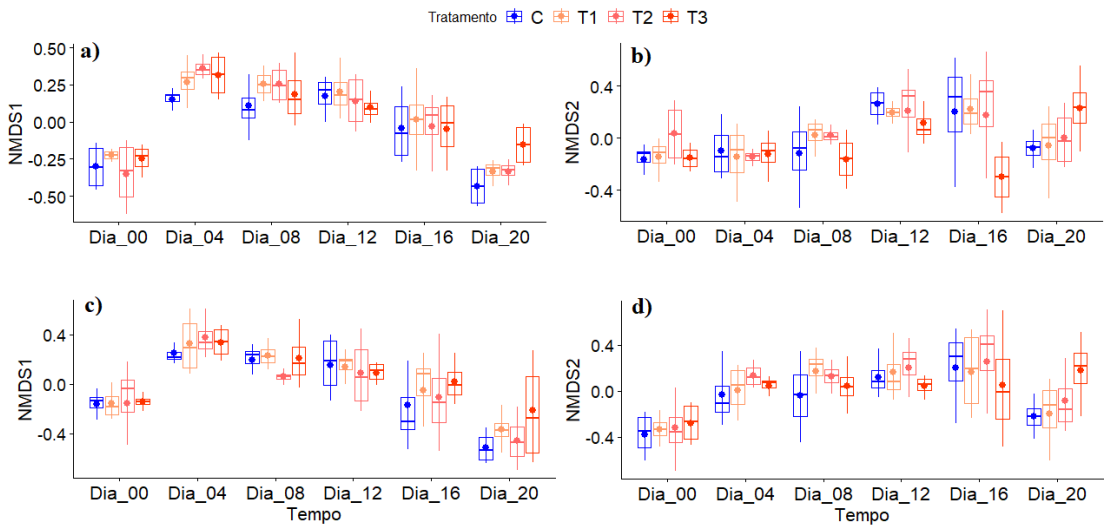


Figura 3.8.26. Variação temporal no primeiro e segundo eixos da Análise de Escalonamento Multidimensional Não-Métrico (NMDS) para densidade (a-b) e presença-ausência (c-d) fitoplanctônica para os tratamentos controle, T1, T2 e T3, considerando os eventos de amostragem.

Embora algumas de nossas expectativas não tenham sido corroboradas, nós encontramos efeitos significativos da adição de cinzas sobre a qualidade da água, e alterações na composição de espécies da comunidade fitoplanctônica. Efeitos mais claros sobre a riqueza e densidade fitoplanctônica, possivelmente, poderiam ser observados em experimentos mais longos. Portanto, estudos que visem avaliar o impacto de queimadas nos ambientes aquáticos devem ser intensificados, uma vez que esses eventos têm sido cada vez mais reportados e os seus efeitos em curto, médio e longo prazo ainda não são bem conhecidos, o que pode interferir no funcionamento e na integridade dos ecossistemas aquáticos continentais.

Síntese: Limiares de biodiversidade de água doce em resposta à perda de vegetação ripária na região Neotropical

Trabalho de pós-doutorado de Renato Dalla Corte, vinculado ao EECBio e sob a supervisão de Adriano Sanches Melo, Fábio de Oliveira Roque e Luís Maurício Bini.

Dala-Corte et al. (2020) exploraram questões relacionadas ao tamanho de vegetação ripária, no entorno dos cursos d'água, necessária para evitar a perda de biodiversidade aquática no Brasil. A pergunta principal do estudo foi: "Existem padrões consistentes no tamanho de vegetação ripária ao longo de grandes regiões e entre grupos aquáticos que podem maximizar a proteção da biodiversidade, ao mesmo tempo que permitam o uso do solo no restante da paisagem?" Foram enfocadas comunidades de invertebrados aquáticos e peixes em ambientes de riachos. Estes dados primários

foram fornecidos por 50 pesquisadores, autores do artigo, abrangendo a maioria dos biomas brasileiros (Figs 3.8.27 e 3.8.28). A estimativa da quantidade de vegetação ripária nativa no entorno dos cursos d'água foi feita a partir de imagens de satélite, nas escalas de 50, 100, 200 e 500 m no entorno de cada ponto amostrado. Para detectar mudanças nas comunidades aquáticas, foi utilizada uma abordagem de estimar pontos abruptos de alterações da biota (limiares), baseados em bioindicadores, em resposta ao tamanho da vegetação ripária.

Em média, os limiares (porcentagem) de perda de vegetação ripária que levam a declínios abruptos na biodiversidade aquática foram altamente variáveis, principalmente para peixes (Fig. 3.8.29). Isso sugere que não existe um valor único de largura de vegetação ripária que possa garantir que os ecossistemas aquáticos não irão sofrer mudanças abruptas de biodiversidade devido às pressões de uso do solo. "Não existe um número mágico". Esse resultado tem implicações sobre o manejo de reservas ripárias (Área de Proteção Permanente - APP). Utilizar um tamanho único de 30 m de APP, como na lei ambiental do Brasil (Lei de Proteção a Vegetação Nativa, nº 12.651/2012), sem levar em consideração particularidades regionais ou o tipo de atividade antrópica, não será suficiente para evitar a perda de biodiversidade aquática em todo território Nacional.

Contudo, avaliando invertebrados aquáticos, os dados mostram claramente que quanto maior as reservas ripárias, menor é o risco de ultrapassar os limiares que levam a declínios abruptos de biodiversidade aquática. Dentro do menor tamanho ripário avaliado (50 m), a perda de apenas 6,5% de vegetação nativa ripária foi suficiente para causar declínios acentuados de invertebrados aquáticos, para os distintos biomas. Quando um tamanho ripário maior foi avaliado (500 m), em média, uma porcentagem quatro vezes maior de perda de vegetação nativa foi necessária para ultrapassar os limiares. Isso significa que a sensibilidade às mudanças na faixa ripária aumenta à medida que nos aproximamos dos riachos e que quase qualquer alteração na área de 50 m no entorno dos riachos já é suficiente para desencadear grandes mudanças na biodiversidade aquática. Além disso, os resultados sugerem que invertebrados aquáticos podem ser organismos mais adequados para utilizar em biomonitoramento de alterações da mata ripária.

Os resultados do estudo sugerem que as APPs no Brasil deveriam ser no mínimo de 50 m (maior que os 30 m obrigatórios atuais para riachos de pequeno porte). Contudo, dado a elevada variação encontrada, esforços regionais para implementar APPs maiores do que a lei exige são necessários. Leis municipais podem ser úteis nesse sentido. Além disso, iniciativas como pagamento por serviços ecossistêmicos

para proprietários que preservam grandes áreas ripárias devem ser encorajados, visto que as maiores áreas do Brasil estão em terras particulares.

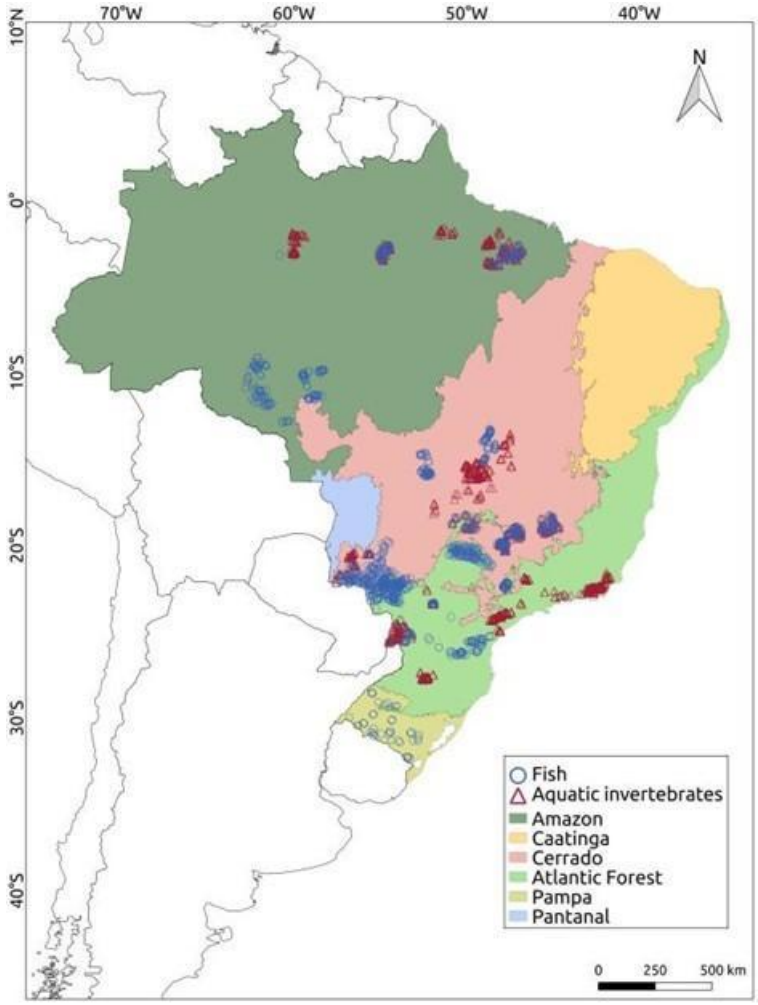


Figura 3.8.27. Locais de amostragem nos diferentes Biomas Brasileiros. Fonte: Dala-Corte et al. (2020).



Fig 3.8.28. Riachos representativos dos quatro biomas abrangidos no estudo: Amazônia, acima-esquerda (foto Renato T. Martins); Cerrado, acima-direita (foto Frederico Salles); Pampa, abaixo-esquerda (foto Fernando G. Becker); Mata Atlântica, abaixo-direita (foto Carina Vogel).

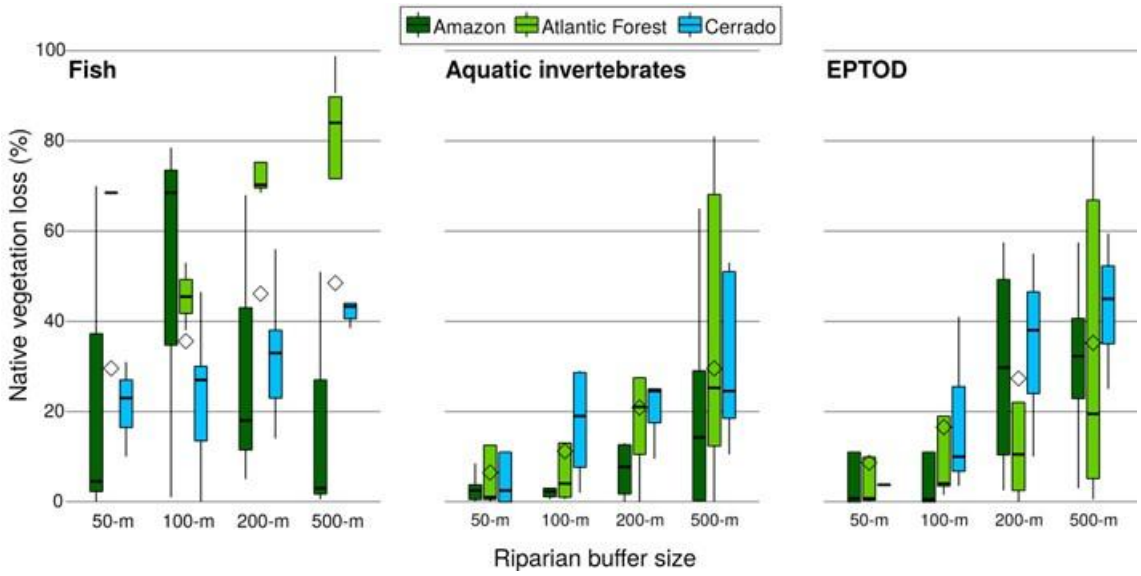


Fig. 3.8.29. Variação na porcentagem de vegetação nativa perdida, nos buffers de 50, 100, 200 e 500 m no entorno dos cursos d'água, que levam a declínios abruptos nas comunidades de peixes (Fish), invertebrados aquáticos (Aquatic invertebrates), e um subgrupo de insetos aquáticos - EPTOD (ordens Ephemeroptera, Plecoptera, Trichoptera, Odonada e Diptera). Perceber que na faixa de 50 m, tanto para invertebrados aquáticos, quanto para EPTOD, os valores de porcentagem de perda de vegetação ripária são congruentes e baixos (em média 6,5% para invertebrados aquáticos).

Homogeneização biótica de ecossistemas aquáticos

Esse trabalho está em desenvolvimento e teve início com a implementação de um bolsista em Agosto de 2023, Gedimar Pereira Barbosa. Também teve a participação de outro bolsista durante curto prazo, Lucas Andrade Rodrigues.

A homogeneização biótica pode ser definida como um aumento na similaridade entre comunidades ao longo do tempo, resultante da dominância de espécies generalistas ou invasoras em detrimento de espécies especialistas. O termo também tem sido utilizado para descrever similaridades entre comunidades no espaço, utilizando diferentes táxons ou abordagens analíticas (Padial et al. 2020). Essas diferentes abordagens para o estudo da homogeneização biótica tornam a síntese uma tarefa desafiadora (Olden et al. 2018). Além disso, como os pesquisadores não seguem procedimentos padronizados, outra limitação é a dificuldade em encontrar dados adequados (abordagens temporais) para realizar sínteses sobre como os distúrbios levam à homogeneização biótica.

Diante disso, foram produzidos dois estudos com essa temática. No estudo 01, buscamos compilar dados de diferentes localidades e grupos biológicos dentro de ecossistemas de água doce no Brasil, a fim de quantificar, de maneira padronizada, os efeitos da homogeneização biótica devido a distúrbios antrópicos no país. Para isso, procuramos dados amostrados utilizando um delineamento antes/depois, para qualquer táxon sob influência de distúrbios antrópicos em ecossistemas de água doce. No estudo 02, realizamos uma revisão sistemática de estudos sobre homogeneização biótica, para investigar como e onde pesquisadores brasileiros coletam seus dados. Demonstramos que dados seguindo a abordagem antes/depois são raros em ecossistemas de água doce e indicamos como e onde cientistas estão conduzindo estudos sobre homogeneização biótica no Brasil.

Estudo 01 - Homogeneização biótica dos ecossistemas de água doce no Brasil: uma abordagem padronizada para distúrbios antrópicos

Foram contatados 127 pesquisadores brasileiros conhecidos por trabalharem com ecossistemas de água doce. Os pesquisadores contatados são especialistas em suas áreas, seja estudando um táxon específico ou um distúrbio antrópico. As informações de contato foram obtidas por meio de suas afiliações institucionais (por exemplo, universidades ou sites de autores) ou por indicação de outros pesquisadores ou colegas contatados. Os dados adquiridos foram compilados de diferentes fontes, incluindo estudos publicados e não publicados. Os dados de comunidade foram incluídos nas análises apenas se atendessem aos seguintes critérios: (1) a amostragem foi planejada para caracterizar a composição da comunidade, em vez de dados de uma única espécie; (2) os dados estavam disponíveis para comunidades amostradas antes e depois do estabelecimento de uma atividade antrópica; (3) os métodos de amostragem foram descritos e padronizados entre os momentos (antes e depois); e (4) as coordenadas geográficas precisas dos locais estavam disponíveis. Para realizar essas análises preliminares, os dados de composição das comunidades foram convertidos em matrizes de presença-ausência. Nos casos em que as comunidades foram amostradas mais de uma vez em cada período (por exemplo, réplicas antes ou depois da atividade antrópica), consideramos uma espécie como presente se ela foi registrada em qualquer período de amostragem. Para quantificar as mudanças na composição das comunidades ao longo do tempo, calculamos a similaridade de espécies entre os períodos (antes e depois da atividade antrópica) usando os índices de Jaccard (Bj) e Sorensen (Bs) aplicados às matrizes de presença-ausência. Para isso, utilizamos o

pacote betapart (Baselga, 2012) no R versão 4.2.1 (R Development Core Team, 2022). Para estimar os efeitos das variáveis independentes (atividades antrópicas e grupo biológico) sobre os índices de dissimilaridade temporal, ajustamos modelos lineares generalizados com distribuição gama aos nossos dados.

Um total de 24 locais, pertencentes a seis estudos distintos, foi incluído em nossa análise. Foram recuperados dados temporais para comunidades de peixes, zooplâncton, macrófitas e fitoplâncton em diferentes localidades, abrangendo cinco atividades antrópicas (barramento, rebaixamento artificial, fogo no entorno, extração de madeira e assoreamento), distribuídas ao longo de rios, reservatórios e córregos (Figura Figura 3.8.30). Além disso, o conjunto de dados inclui informações de três biomas brasileiros (Floresta Amazônica, Mata Atlântica e Cerrado), cobrindo três regiões (Norte, Sul e Sudeste) e quatro estados (Figura 3.8.31).

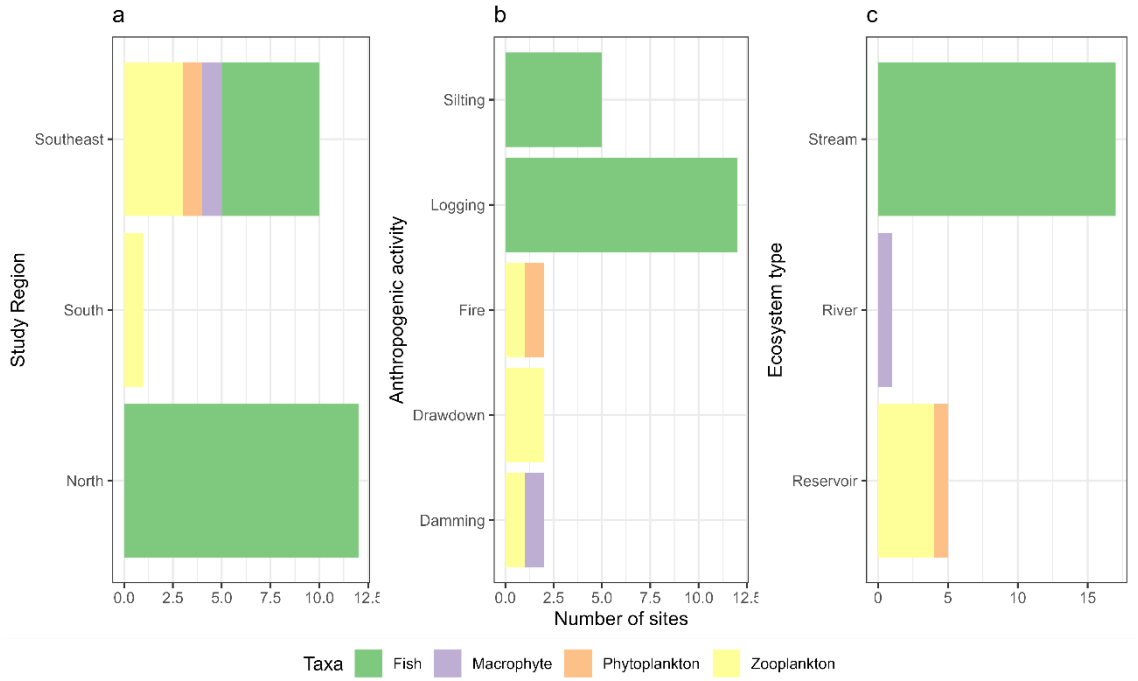


Fig.3.8.30. Distribuição dos dados de quatro grupos biológicos nas regiões brasileiras (a), atividades antrópicas (b) e tipos de ecossistemas aquáticos (c) incluídos neste estudo.

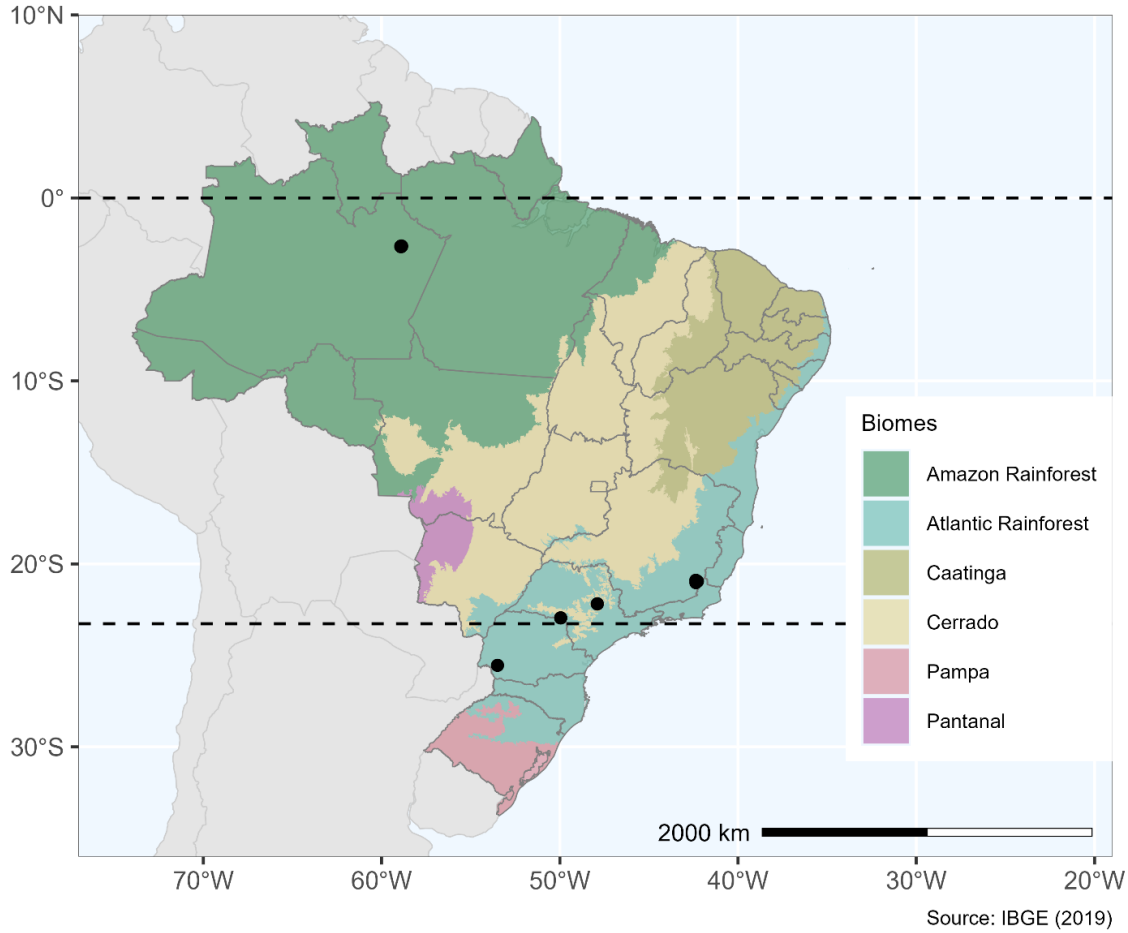


Fig. 3.8.31. Distribuição geográfica dos dados de composição da comunidade utilizados neste estudo. Os pontos pretos indicam os locais sob influência de atividades antrópicas nas regiões e biomas brasileiros. Alguns locais na Amazônia e em São Paulo são indistinguíveis nesta escala do mapa.

Embora o índice de Jaccard tenha apresentado valores de dissimilaridade mais elevados em comparação com o de Sorensen, ambos seguiram uma distribuição semelhante entre grupos biológicos, atividades antrópicas, regiões e tipos de ecossistemas (Figuras 3.8.32 e 3.8.33). De acordo com nosso modelo, as macrófitas tiveram um efeito negativo significativo na dissimilaridade temporal para os índices de Jaccard (Bj = -1,90, p = 0,03) e Sorensen (Bs = -3,90, p = 0,03) (Figura 4). Entre as atividades antrópicas, apenas o assoreamento apresentou um efeito significativo sobre os índices de dissimilaridade temporal (Bj = -2,10, p = 0,01, e Bs = -4,20, p = 0,02; Figura 4). Para resultados completos do modelo e informações detalhadas, consulte o material suplementar.

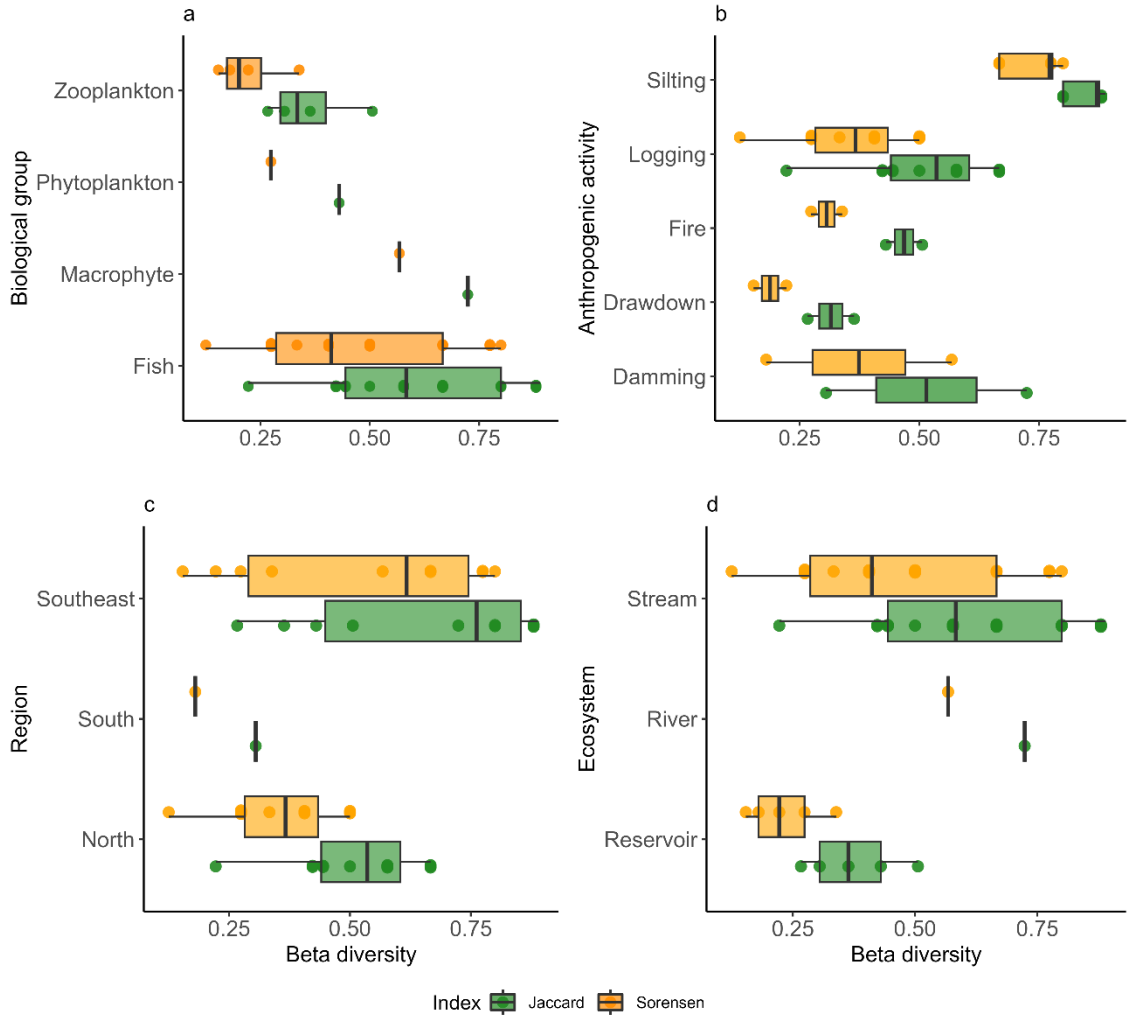


Fig. 3.8.32. Boxplots da variação observada nos índices de diversidade beta temporal (Jaccard e Sorensen), calculados para diferentes (a) grupos biológicos sob (b) efeitos antrópicos, em distintas (c) regiões brasileiras e (d) ecossistemas aquáticos.

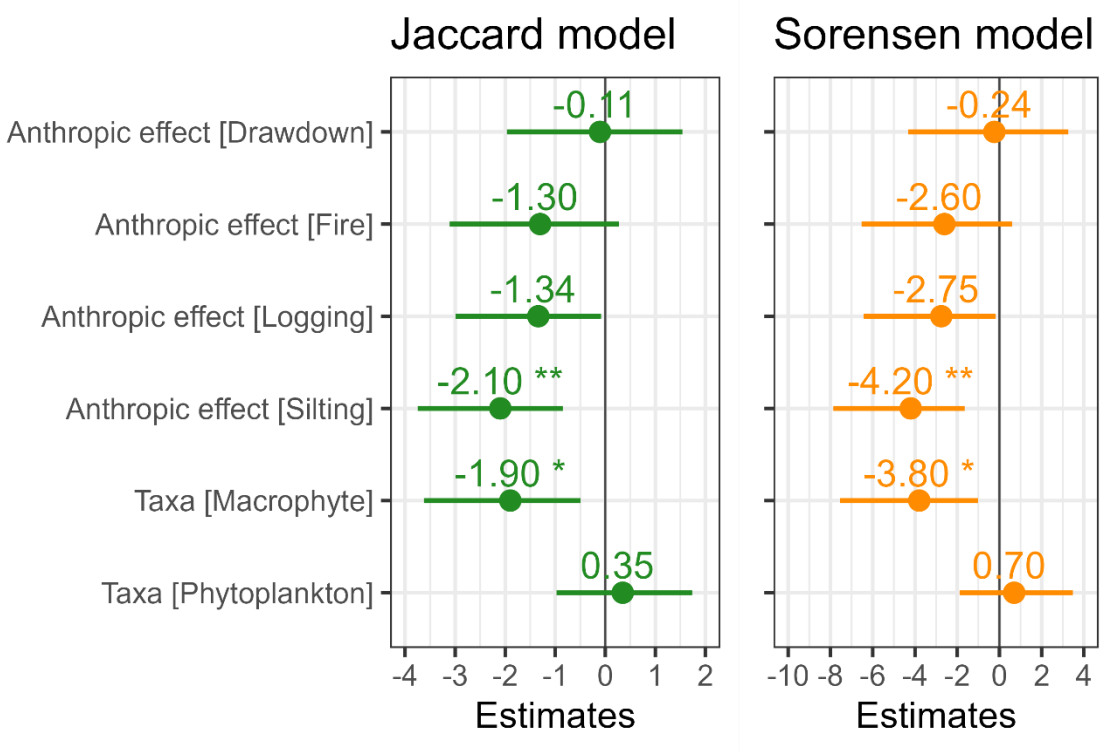


Fig. 3.8.33. Coeficientes dos modelos lineares generalizados com intervalos de confiança (IC) de 95% para variáveis indexando grupos biológicos e atividades antrópicas na mudança da composição da comunidade ao longo do tempo. Coeficientes seguidos de asteriscos são estatisticamente significativos (p < 0,05).

Embora sejam interessantes, nossos resultados são inconclusivos devido ao número reduzido de conjuntos de dados que conseguimos compilar neste estudo. A escassez de pesquisadores trabalhando com dados temporais (abordagem antes/depois) impossibilitou a realização de análises confiáveis. Como evidenciado no estudo 2 deste relatório (veja abaixo), tais dados são raros nos artigos publicados, e a maioria dos estudos que indicam homogeneização ou diferenciação biótica são conduzidos por meio de comparações pontuais entre locais impactados e não impactados. No entanto, acreditamos que uma importante lição pode ser extraída deste trabalho. Embora seja relativamente fácil encontrar informações sobre cientistas brasileiros em sites governamentais, institucionais ou pessoais, nossa comunicação com pesquisadores teve algumas limitações. A maioria dos contatados não possuía dados compatíveis com os objetivos do estudo, e um número significativo de pesquisadores não respondeu ao convite para colaborar. Como a ciência aberta é uma realidade para periódicos e agências de fomento atualmente, acreditamos que um sistema no qual cientistas possam compartilhar dados e expandir colaborações seria altamente benéfico para a ciência da água doce no Brasil. Além disso, considerando que os distúrbios antrópicos continuam sendo uma ameaça crescente à biodiversidade

aquática, tais colaborações podem ser a única maneira de entender como gerenciar e conservar os ecossistemas remanescentes.

Estudo 02 - Homogeneização biótica dos ecossistemas de água doce no Brasil: como e onde os estudos são conduzidos

Para identificar estudos sobre homogeneização biótica em ecossistemas de água doce no Brasil, realizamos uma revisão sistemática na base de dados ISI Web of Science (https://webofknowledge.com/). Buscamos no campo de tópico utilizando a seguinte combinação de palavras-chave: **"Brazil*" AND ("homogeni?ation" OR "biotic differentiation") AND ("freshwater" OR "stream" OR "river" OR "lake")**. Para a busca, selecionamos três coleções principais: Web of Science Core Collection, Preprint Citation Index e SciELO Citation Index.

Foram selecionados artigos que relataram mudanças na composição taxonômica ou funcional da comunidade, caracterizando processos de homogeneização ou diferenciação. Estudos que não atenderam aos critérios de inclusão foram excluídos, como aqueles realizados em outros países, sem indicação clara de distúrbios antrópicos ou que não detectaram efeitos relevantes. O número total de artigos recuperados e excluídos foi descrito em um fluxograma (Figura 3.8.34), adaptado do protocolo ROSES para revisões sistemáticas (Haddaway et al., 2018).

De cada artigo selecionado, extraímos informações sobre: região, bioma, tipo de ecossistema de água doce estudado, principal grupo amostrado, tipo de dado coletado, distúrbio antrópico e principais resultados informados pelos autores (Tabela 3.8.3). Nos casos em que os estudos foram conduzidos em ecótonos, consideramos o bioma no qual os autores realizaram a maior parte da coleta de dados. O mesmo critério foi aplicado para definir regiões geográficas e estados. Estudos em que os distúrbios antrópicos não foram claramente declarados ou que não puderam ser identificados com base na descrição do local de estudo foram removidos da revisão. Mudanças sazonais marcantes foram consideradas como distúrbios apenas quando os autores relataram condições associadas a impactos antrópicos (exemplo: secas extremas ou enchentes causadas por barragens). Alguns artigos continham mais de um conjunto de resultados, como aqueles que analisaram múltiplos táxons ou relataram mudanças taxonômicas e funcionais no mesmo estudo. Dessa forma, o número total de dados analisados difere do número de artigos incluídos na revisão.

Tabela 3.8.3. Informações extraídas dos estudos incluídos em nossa revisão de homogeneização e diferenciação biótica em ecossistemas de água doce brasileiros.

Parâmetro	**Categorias**	**Descrição**
Região	Norte (1), Nordeste (2), Centro-Oeste (3), Sudeste (4), Sul (5)	Regiões brasileiras onde os autores realizaram a maior parte da coleta de dados.
Estado	Estados Brasileiros	Estados Brasileiros onde os autores realizaram a maior parte da coleta de dados.
Bioma	Floresta Amazônica (1), Mata Atlântica (2), Cerrado (3), Caatinga (4), Pampa (5) e Pantanal (6)	Biomas brasileiros onde os autores realizaram a maior parte da coleta de dados.
Ecossistema	Lago (1), córrego (2), rio (3) e reservatório (4)	Ecossistemas de água doce onde os autores realizaram amostragem de dados.
Taxa	Peixes (1), Macroinvertebrados (2), Zooplâncton (3), Algas (4), Macrófitas (5), Outros (6)	Os grupos de macroinvertebrados foram compostos em sua maioria por insetos de água doce. Os grupos de algas incluíram fitoplâncton, diatomáceas e algas perifíticas. Outros incluíam ciliados e fungos encontrados em ecossistemas de água doce.
Distúrbio antrópico	Barragem (1), Hidrologia (2), Invasão biótica (3), Mudanças climáticas (4), Uso da terra (5), Desmatamento (6) e Poluição orgânica (7)	As mudanças hidrológicas incluem secas extremas, inundações e desvios de rios, nos casos em que os autores não declararam sua causa direta. A invasão biótica considera espécies exóticas e não nativas. O uso da terra inclui urbanização e mudanças agrícolas. A poluição orgânica inclui o depósito de matéria nos corpos d'água e a eutrofização.
Dados	Temporal (1), Espacial (2) e Espacial/Temporal (3)	Os dados temporais referem-se apenas aos dados coletados usando uma abordagem antes/depois. Os dados espaciais consideram os dados coletados em vários locais (impactados e não afetados). Os dados espaciais/temporais referem-se a estudos em que os autores consideraram mudanças temporais após perturbação, em locais impactados e não impactados.
Diversidade	Taxonômico (1) e Funcional (2)	Componentes de diversidade identificados nos estudos.
Mudança	Homogenization (1),	O tipo de mudança foi registrado conforme

observada	and Differentiation (2)	definido pelos autores dentro do estudo. Estudos nos quais os autores informaram apenas a composição de espécies distintas (por exemplo, rotatividade) foram considerados diferenciação.

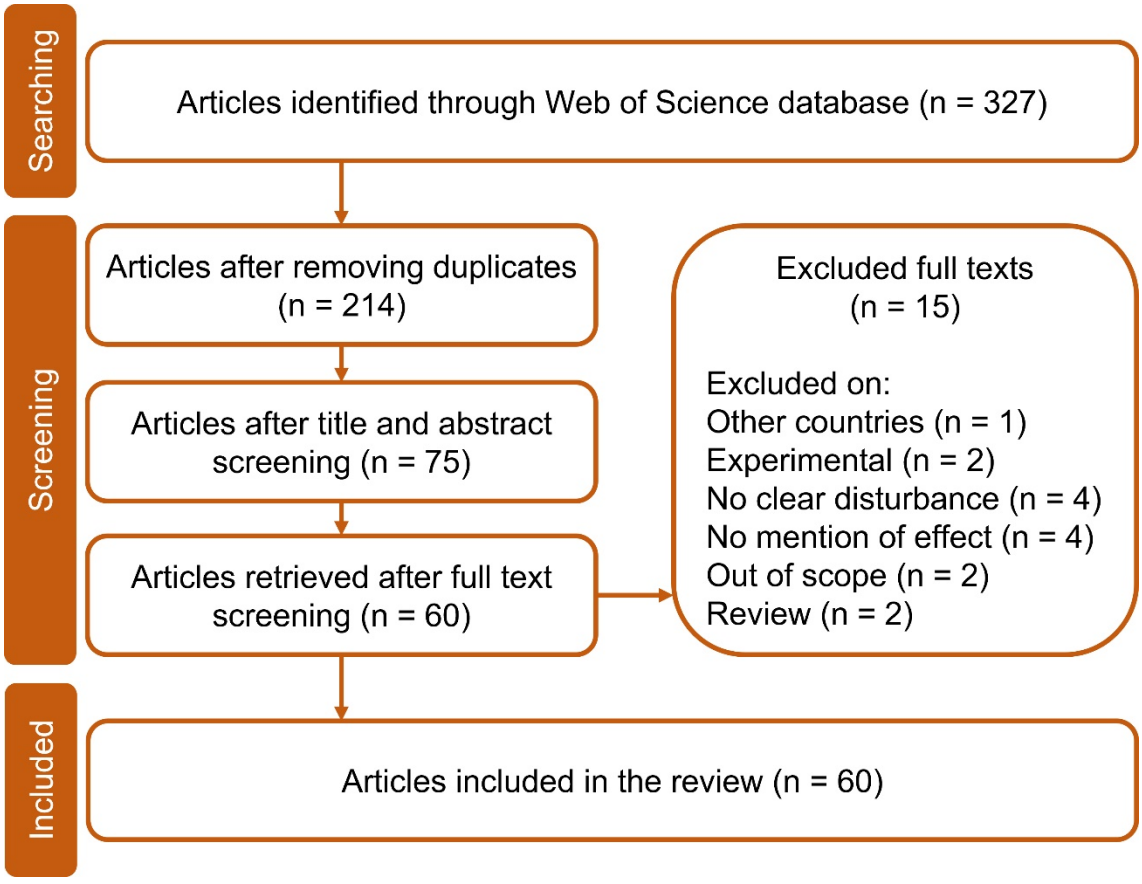
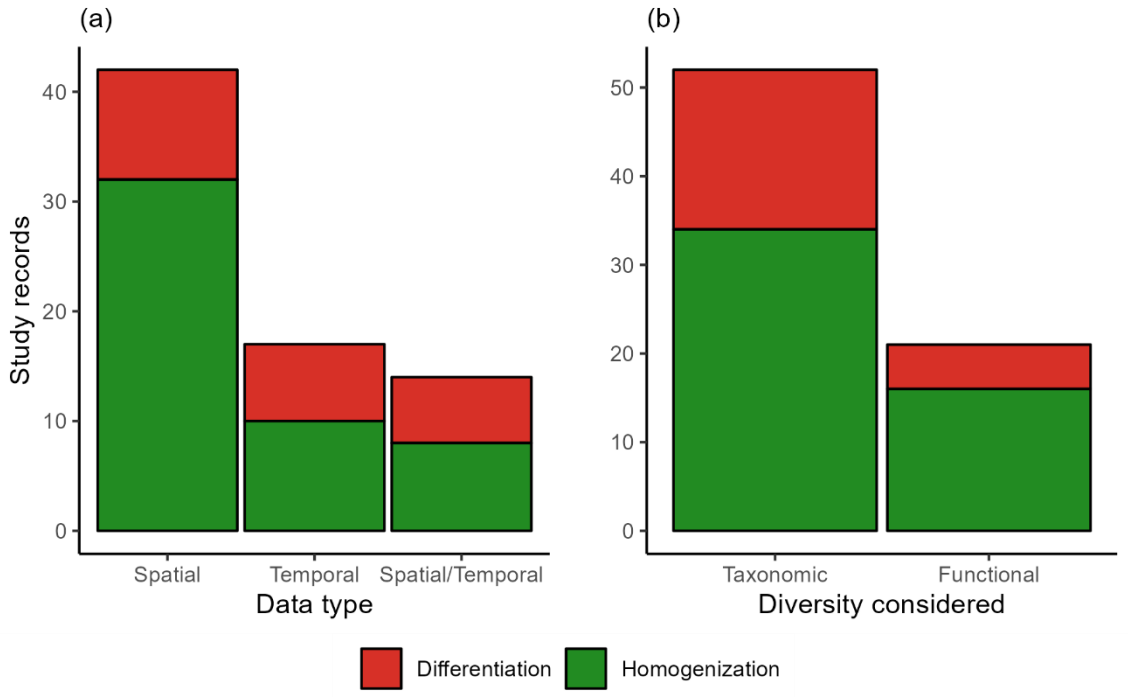


Fig. 3.8.34. Fluxograma indicando como a revisão sobre homogeneização e diferenciação biótica em ecossistemas de água doce no Brasil foi conduzida. Adaptado do diagrama de fluxo ROSES para revisões sistemáticas (Haddaway et al., 2018).

Obtivemos um total de 73 resultados, extraídos de 60 artigos que relataram processos de homogeneização ou diferenciação biótica na composição das comunidades após distúrbios antrópicos (Figura 3.8.34). A maioria dos resultados indicou que os ecossistemas de água doce passaram por homogeneização biótica diante de mudanças antrópicas (n = 50), com a maioria dos estudos avaliando a diversidade taxonômica por meio de uma abordagem de comparação espacial (Figura 3.8.35). Dados exclusivamente temporais foram raros dentro dos estudos analisados (n = 17), o que corrobora os achados do estudo 1, mostrando que desenhos amostrais

baseados em abordagens antes/depois são pouco utilizados em ecossistemas de água doce no Brasil. A predominância de observações pontuais no tempo, em vez de estudos de longo prazo, limita nossa capacidade de detectar respostas das comunidades a distúrbios antrópicos. Isso ocorre porque as fases de transição entre homogeneização e diferenciação podem se tornar cada vez mais comuns (Padial et al., 2020). Esse cenário reforça a necessidade urgente de monitoramentos de longo prazo para inferir corretamente como a biodiversidade está mudando.



Fig, 3.8.35. Tipo de dado (a) e componente da diversidade (b) associado às mudanças na revisão sobre homogeneização e diferenciação biótica em ecossistemas de água doce no Brasil.

A Mata Atlântica foi o bioma mais estudado (n = 39 resultados), seguida pela Amazônia (n = 12) e pelo Cerrado (n = 11) (Figura 3.8.36). Esses biomas são considerados hotspots de conservação da biodiversidade (Meyers et al.) e sempre levantaram preocupações devido aos impactos dos distúrbios antrópicos, como perda de habitat, poluição hídrica e invasão biótica (Padial et al., 2021). No entanto, esses resultados também reforçam a ideia de que biomas únicos para a conservação da biodiversidade, como a Caatinga, ainda são sub-representados em estudos de biodiversidade e conservação (Oliveira et al., 2012). Além disso, a predominância de estudos na Mata Atlântica revela um segundo viés nos estudos sobre homogeneização biótica: dos 39 resultados obtidos, mais da metade foram conduzidos no estado do Paraná (n = 20), seguido por São Paulo (n = 8).

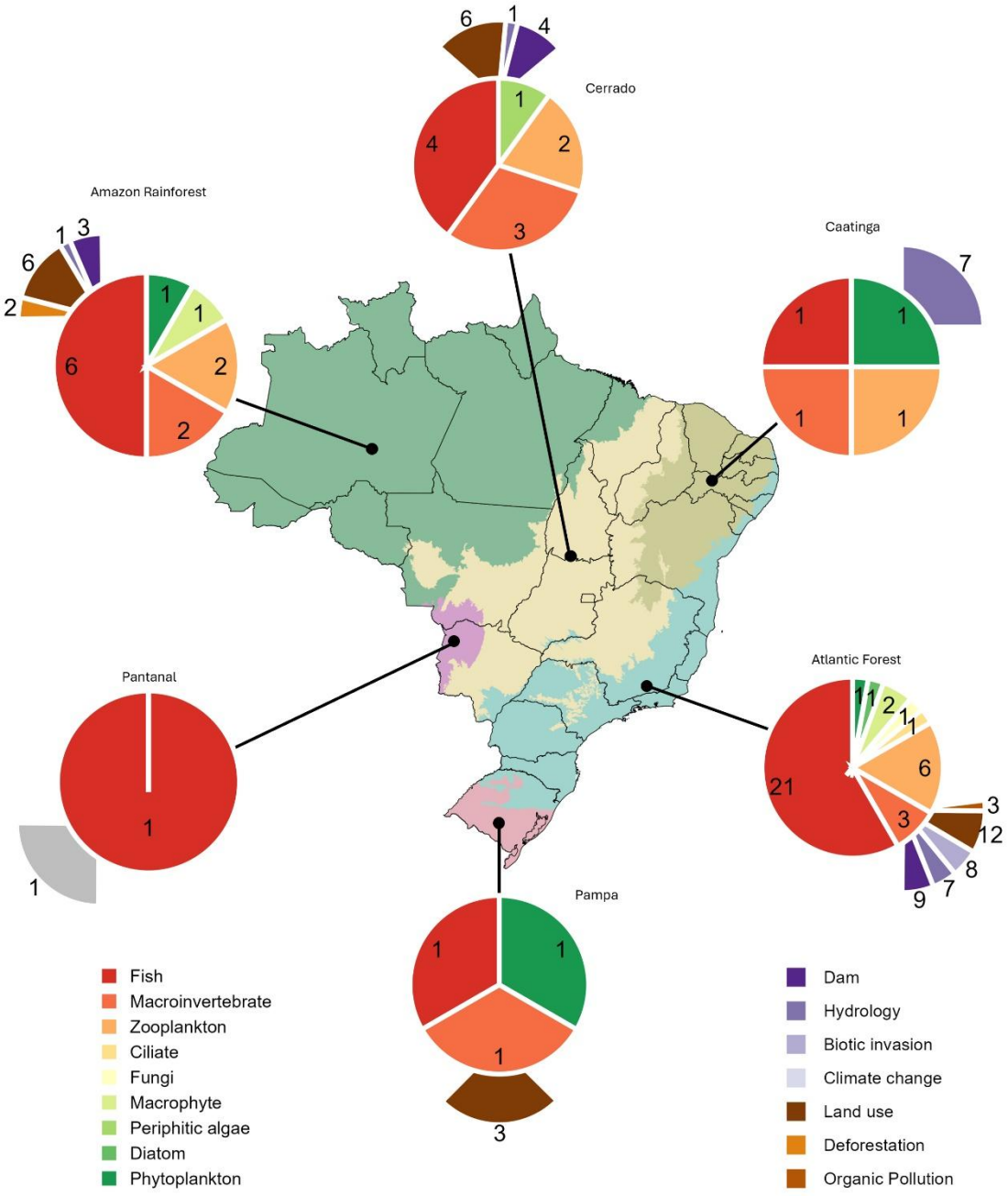


Figura 3.8.36. Distribuição dos estudos sobre homogeneização biótica nos biomas brasileiros. Os principais táxons estudados e os distúrbios antrópicos associados às mudanças na composição das comunidades são reportados. Os valores nos gráficos de pizza indicam o número de resultados encontrados no processo de revisão dos artigos.

O uso da terra influencia a biodiversidade de água doce por meio de efeitos diretos e indiretos sobre as comunidades e estruturas tróficas (Barbosa & Siqueira, 2023). Em nossa revisão, o uso da terra foi detectado como um dos principais fatores de homogeneização e diferenciação biótica em quase todos os biomas (n = 27 resultados) (Figura 7), afetando todos os principais táxons registrados nos estudos

compilados (Figura 8). Dos estudos que relataram efeitos do uso da terra, 13 resultados descreveram homogeneização das comunidades biológicas em resposta à expansão urbana e agrícola. Isso era esperado, pois a conversão de habitats naturais em paisagens antrópicas tende a homogeneizar as comunidades biológicas, alterando a dominância e a composição das espécies que interagem nos ecossistemas (Jackson et al., 2020). Outros distúrbios antrópicos amplamente registrados foram construção e operação de barragens (n = 16) e alterações hidrológicas, como secas extremas e inundações (n = 16). Esses impactos resultaram em homogeneização biótica (n = 21) ou diferenciação biótica (n = 11) na maioria dos táxons estudados (Figura 3.8.36). Barragens tendem a homogeneizar a biota aquática, principalmente por alterar o fluxo dos rios, a conectividade e os níveis de água (Poff et al., 2007). A homogeneização ocorre, em grande parte, porque espécies locais entram em extinção diante das novas condições hidrológicas, e a colonização de novos trechos é dificultada pelo isolamento dos corpos d'água (Agostinho et al., 2016). No entanto, há evidências de que, após o alagamento de barragens, as assembleias de peixes podem se tornar mais similares às observadas antes da construção da barragem (Vitule et al., 2012).

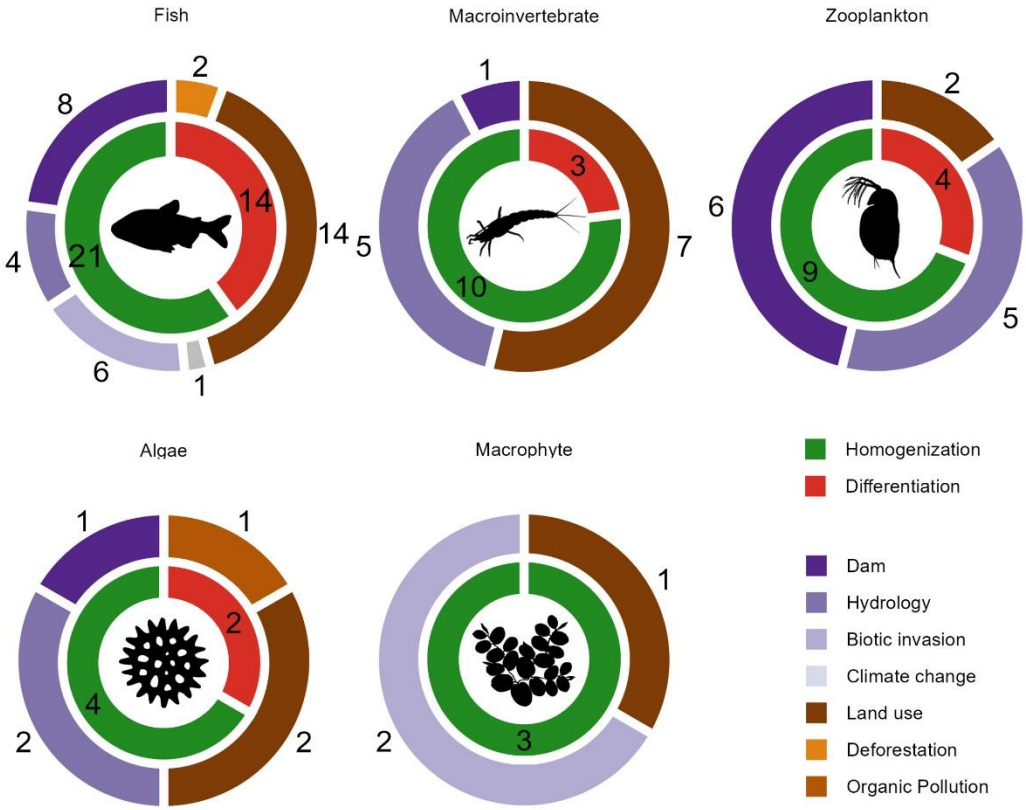


Fig. 3.8.36. Principais táxons de água doce e fatores antrópicos responsáveis pela homogeneização e diferenciação biótica nos estudos brasileiros. Os valores nos gráficos de pizza indicam o número de resultados encontrados no processo de revisão dos artigos.

De maneira geral, nossos resultados destacam pontos importantes para direcionar futuras pesquisas. Os estudos sobre homogeneização e diferenciação biótica ainda estão concentrados nas regiões sul e sudeste do Brasil, principalmente na Mata Atlântica. Biomas negligenciados, como a Caatinga, permanecem sub-representados, o que pode refletir a distribuição dos grupos de pesquisa e seus interesses dentro do território brasileiro. Os pesquisadores devem adotar metodologias padronizadas para coletar dados sobre homogeneização biótica. Estudos baseados apenas em observações pontuais e comparações entre locais perturbados e não perturbados podem ser insuficientes para detectar mudanças na biodiversidade. É fundamental intensificar o monitoramento de longo prazo da biodiversidade nos ecossistemas de água doce brasileiros. Apenas dessa forma será possível compreender verdadeiramente como as comunidades estão mudando ao longo do tempo. Esse último ponto é particularmente desafiador, dada a pressão crescente para a publicação rápida de resultados científicos e a escassez de financiamento para projetos de longo prazo. Como já mencionado neste estudo, uma estratégia para superar as limitações na pesquisa sobre homogeneização biótica no Brasil seria a criação de redes interestaduais de pesquisa. Essas redes poderiam delinear projetos conjuntos, compartilhar financiamento e monitorar a biodiversidade em nível nacional, contribuindo para uma visão mais abrangente das mudanças ecológicas em ecossistemas de água doce.

Sincronia espacial e estabilidade de ecossistemas aquáticos

Trabalhos derivados da tese de Matheus Nunes da Silva, no PPG Ecologia & Evolução da Universidade Federal de Goiás sob orientação de Luis Maurício Bini.

O fenômeno de sincronia em estudos ecológicos (i.e., abundâncias correlacionadas ao longo do tempo), pode ser investigado por duas vertentes: entre populações de uma única espécie em diferentes locais (i.e., sincronia espacial) e entre diferentes espécies em uma única comunidade ou metacomunidade (i.e., sincronia interespecífica ou sincronia comunitária). Ambos tipos de sincronia estão associados à estabilidade ecológica, em diferentes níveis hierárquicos (Wang et al. 2019).

Em uma escala de metapopulação, os níveis de sincronia espacial de uma espécie podem estar relacionados a sua persistência em escala regional. Essa sincronia espacial pode ser promovida por diferentes processos, tais como dispersão, interações bióticas e estocasticidade ambiental (efeito Moran); entretanto, separar os efeitos individuais de cada fator é um desafio. Além disso, os níveis de sincronia espacial

tendem a variar entre espécies e grupos funcionais, sendo possível determinar características das espécies que promovam dinâmicas mais ou menos sincrônicas espacialmente.

Já em escalas de comunidade ou metacomunidade, investigar o nível de sincronia interespecífica e sua relação com a similaridade entre as espécies é uma abordagem útil para associar o efeito de respostas similares ao ambiente e de competição, respectivamente, às dinâmicas síncronas ou compensatórias (i.e., abundâncias correlacionadas negativamente ao longo do tempo). Isso é importante para a estabilidade das comunidades, já que a estabilidade temporal das variáveis agregadas de uma comunidade (e.g., abundância total) tende a ser maior em comunidades com baixos níveis de sincronia entre as espécies (i.e., efeito do seguro). Esse efeito estabilizador pode estar associado a uma maior diversidade de espécies e funções na comunidade, pois em comunidades ricas, o declínio de uma espécie com determinada função pode ser compensado pelo aumento de outra com função similar, mantendo a estabilidade da comunidade como um todo. Nesse contexto, abordagens funcionais e filogenéticas podem ser úteis para estudar as relações entre diversidade, sincronia comunitária e estabilidade de comunidades aquáticas. Utilizando essa temática foram produzidos quatro estudos, descritos a seguir.

Estudo 01 - Efeitos da eutrofização gradual na sincronia espacial do fitoplâncton em mesocosmos

Nesse trabalho avaliamos se a eutrofização gradual pode funcionar como um efeito Moran (i.e., um efeito ambiental regional) e sincronizar espacialmente espécies e grupos de espécies de fitoplâncton em mesocosmos. Para tanto, utilizamos os dados de experimento previamente descrito (item 3.8.1. estudo 01), em que oito mesocosmos foram submetidos a adição gradual de nutrientes a cada quatro dias (tratamento eutrófico), totalizando 36 dias amostrados, e oito mesocosmos que funcionaram como controle (tratamento oligotrófico). A vantagem de utilizar experimentos para estudar sincronia espacial é a possibilidade de exclusão de possíveis mecanismos sincronizadores. Nesse caso, a dispersão entre os mesocosmos é nula ou muito limitada, o que enfatiza o papel do efeito das variáveis ambientais na sincronia espacial das populações e grupos.

Utilizamos correlações de Spearman entre as séries temporais destendenciadas para estimar a sincronia espacial. Para os grupos funcionais de Reynolds, grupos morfológicos, grupos taxonômicos e cada espécie, obtivemos três matrizes de correlações: dentro do tratamento oligotrófico, no tratamento eutrófico e entre os dois

tratamentos. A média dos elementos fora da diagonal principal dessas matrizes foi considerada como o valor de sincronia espacial. Em geral, encontramos níveis baixos de sincronia espacial, tanto para os grupos funcionais (Fig. 3.8.37) quanto para as espécies mais frequentes (Fig. 3.8.38), exceto *Monoraphidium contortum*, uma espécie altamente sensível à disponibilidade de nutrientes. Além disso, os níveis de sincronia espacial não diferiram entre mesocosmos do mesmo tratamento ou entre tratamentos diferentes. Esses resultados indicam que fatores locais (i.e., interações bióticas e variáveis do mesocosmo) podem ser mais importantes do que fatores regionais (i.e., eutrofização em escala regional) para regular a variação temporal do fitoplâncton. Além disso, concluímos que mudanças graduais nas condições tróficas podem não ser capazes de sincronizar populações fitoplanctônicas em mesocosmos.

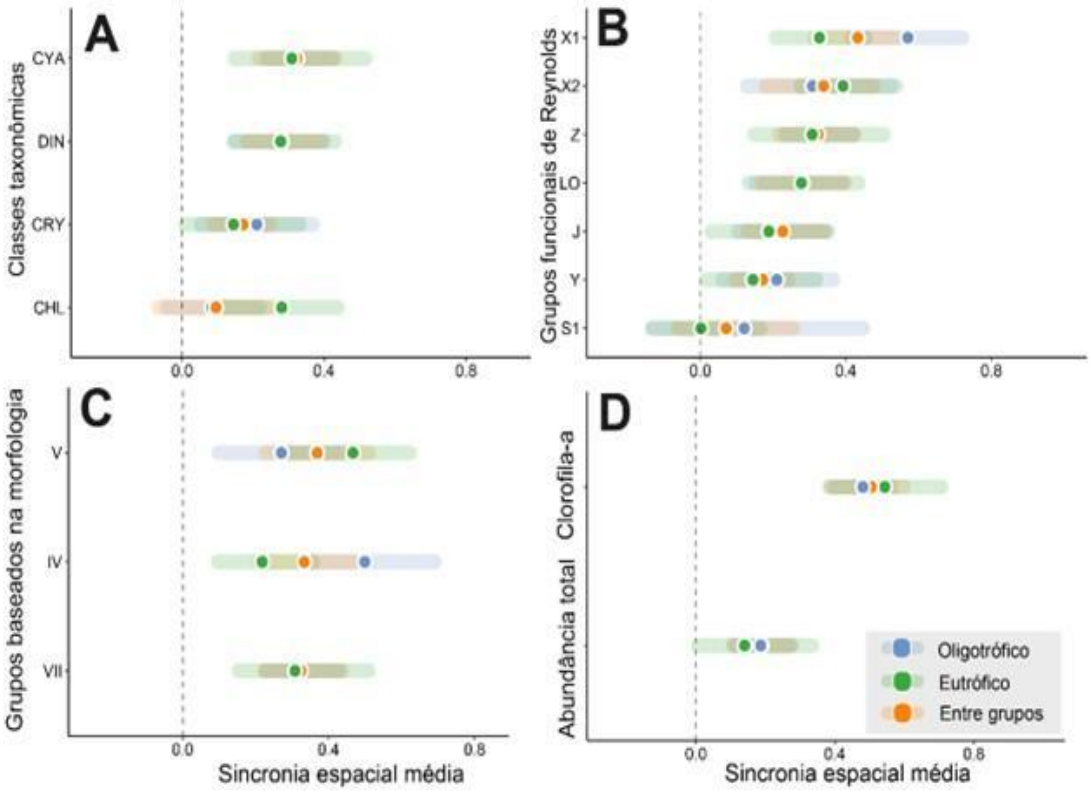


Fig. 3.8.37. Sincronia espacial média de grupos fitoplanctônicos em comparações dentro do tratamento oligotrófico, dentro do tratamentos eutrófico e entre tratamentos. (A) Classes taxonômicas; (B) Grupos funcionais de Reynolds; (C) Grupos morfológicos; (D) Abundância total e clorofila-a.

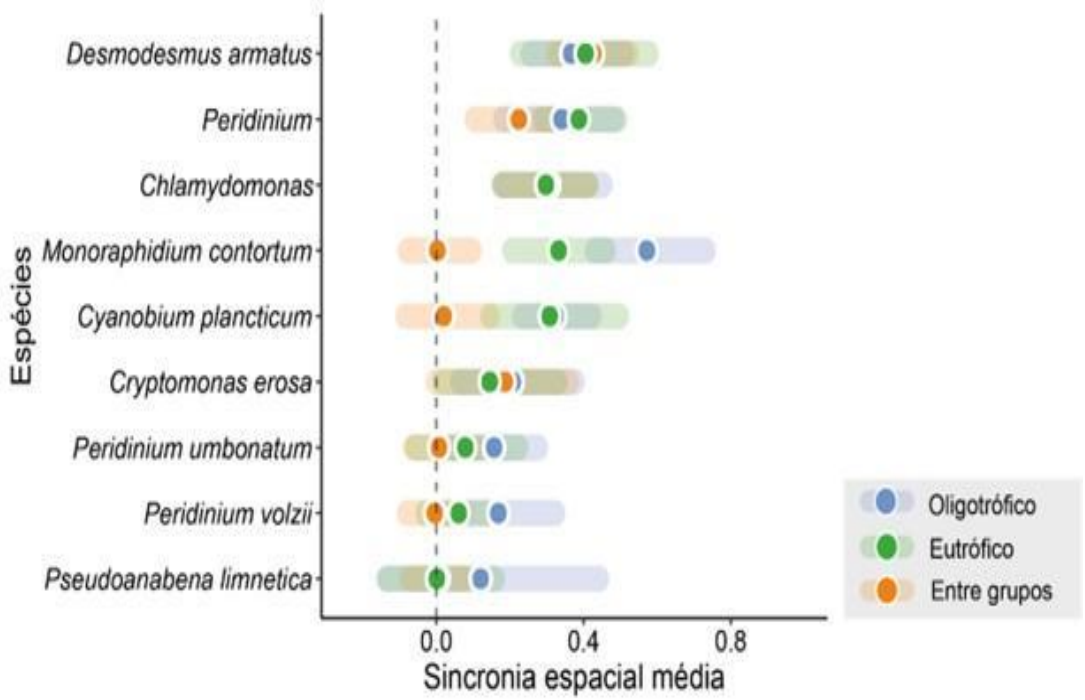


Fig. 3.8.38. Sincronia espacial média das espécies de fitoplâncton mais frequentes nos mesocosmos. A sincronia foi calculada dentro do tratamento oligotrófico, dentro do tratamento eutrófico e entre tratamentos.

Estudo 02 - A variação interespecífica na sincronia espacial de peixes está relacionada com traços reprodutivos em uma cascata de reservatórios

Nesse trabalho (Rodrigues et al. 2022) avaliamos a sincronia espacial de espécies de peixes de água doce em uma série de reservatórios em cascata no rio São Francisco. Relacionamos os níveis de sincronia com características das espécies (dieta, migração, fecundação, cuidado parental, tipo de desova, posição na coluna d'água, amplitude de nicho, tamanho do corpo, forma do corpo e ocorrência temporal média). Nós hipotetizamos que atributos conservados (reprodutivos e morfológicos) explicariam melhor a variação interespecífica na sincronia espacial do que atributos que podem variar de acordo com o ambiente (como alimentação e preferência de habitat). Do mesmo modo do trabalho anterior, no contexto geral desse trabalho, a dispersão seria limitada e o principal mecanismo promotor de sincronia espacial seria o efeito Moran.

Nós estimamos a sincronia espacial média de cada espécie com correlações de Spearman. Para determinar as características das espécies mais relacionadas com o nível de sincronia, nós utilizamos uma abordagem de seleção de modelos baseado no Critério de Akaike (AICc) após controlar a autocorrelação filogenética. Encontramos uma alta variação interespecífica nos níveis de sincronia espacial (Fig. 3.8.39), que foi

relacionada com características reprodutivas: espécies sedentárias com desova parcial e sem cuidado parental apresentaram maior sincronia espacial média do que espécies com características opostas (Fig. 3.8.40). Por outro lado, atributos morfológicos e de preferência de habitat foram preditores fracos da sincronia espacial. Portanto, traços conservativos explicaram melhor a variação interespecífica na sincronia das espécies de peixe estudadas. Por ser uma bacia hidrográfica altamente fragmentada e com limitação de dispersão, nós especulamos que, se impactos extremos continuarem a ocorrer na bacia em escala regional (e.g., salinização e mudança no uso do solo), estes podem afetar negativamente as populações locais de peixes resultando em aumento do risco de declínios sincronizados.

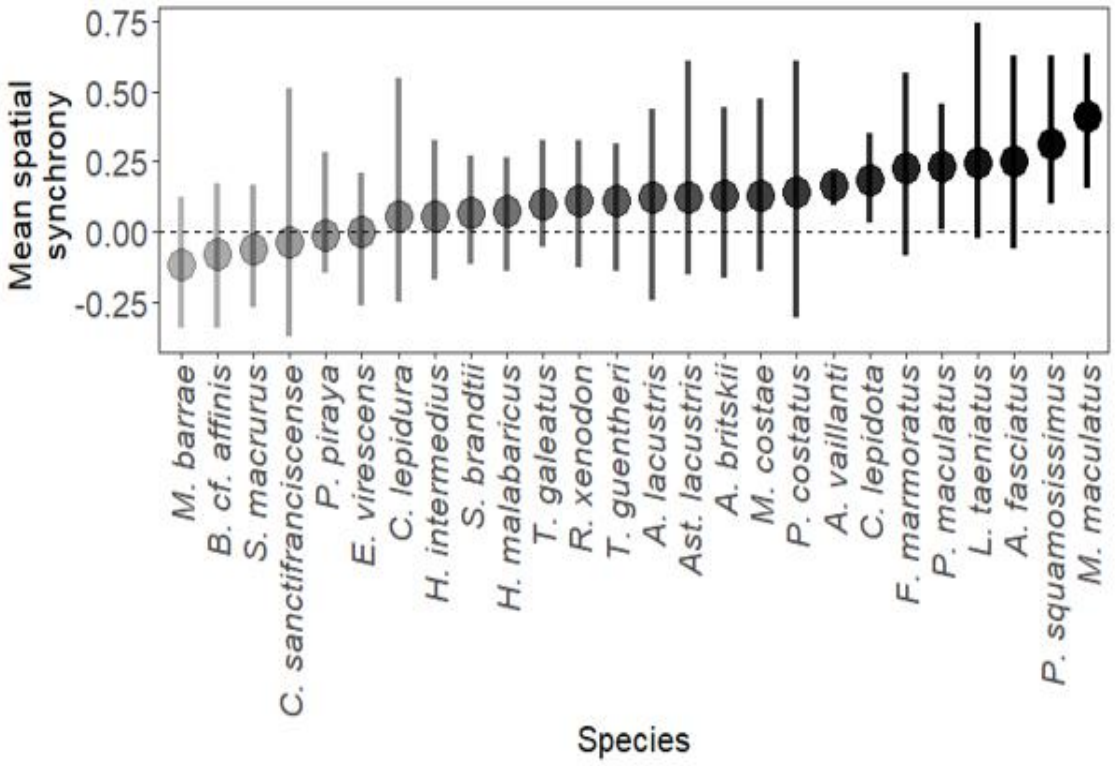


Figura 3.8.39. Sincronia espacial média de espécies de peixe em reservatórios em cascata do rio São Francisco.

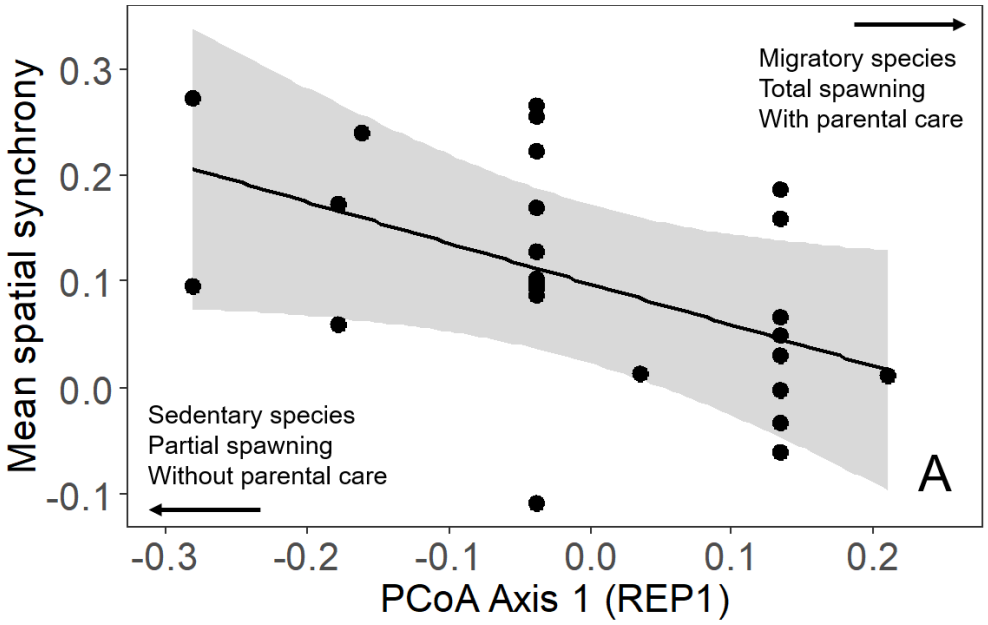


Figura 3.8.40. Relação entre sincronia espacial média e o primeiro eixo de uma PCoA (Análise de Coordenadas Principais) representando a variação nas características reprodutivas de espécies de peixe em reservatórios do rio São Francisco.

Estudo 03 - Testando os efeitos da eutrofização gradual na sincronia comunitária, diversidade funcional e estabilidade de comunidades de fitoplâncton em mesocosmos

Diferentes mecanismos podem promover a estabilidade de uma comunidade, incluindo a diversidade e o nível de sincronia interespecífica da comunidade. Neste trabalho, nós usamos os dados do experimento de eutrofização gradual sob a comunidade fitoplanctônica em mesocosmos (ver estudo 01 do item *3.8.1*) para avaliar diferenças entre a diversidade funcional, a sincronia comunitária e a estabilidade da comunidade sob diferentes níveis de eutrofização (tratamentos oligotrófico e eutrófico). Estimamos a estabilidade da abundância total da comunidade e das concentrações de clorofila-*a*, que representa a produtividade primária dos mesocosmos. Utilizamos duas métricas para estimar a sincronia da comunidade, a métrica φ (Loreau & de Mazancourt 2008), baseada em covariâncias, e a métrica η_w (Blüthgen et al. 2016), baseada em correlações e ponderada pela abundância das espécies. Para o cálculo da diversidade funcional, utilizamos os seguintes atributos: volume, razão superfície/volume, máxima dimensão linear, forma de vida, motilidade, presença de heterócito e de exoesqueleto de sílica. Escolhemos esses traços porque eles estão relacionados com diferentes aspectos da ecologia do fitoplâncton (Litchman & Klausmeier 2008). Avaliamos essas métricas antes e após a estabilização dos mesocosmos tratados em uma condição

eutrófica, após o 26º dia do experimento, usando uma Análise de Variância (ANOVA) de medidas repetidas.

A diversidade funcional do fitoplâncton foi significativamente menor no grupo oligotrófico do que no eutrófico (Fig. 13.8.41 A). Não encontramos diferenças significativas na sincronia comunitária e na estabilidade da abundância total entre o grupo oligotrófico e eutrófico (Fig. 13.8.41 B, C e D). Por outro lado, a estabilidade da clorofila-a foi significativamente maior no grupo oligotrófico no período após o 26º dia do experimento (Fig. 13.8.41 E). Nossos resultados indicaram que a eutrofização diminui a estabilidade da produtividade primária, mesmo sem mudanças na sincronia comunitária e com uma relação negativa com a diversidade funcional. Portanto, é provável que outros mecanismos estabilizadores possam atuar na comunidade fitoplanctônica em resposta à eutrofização.

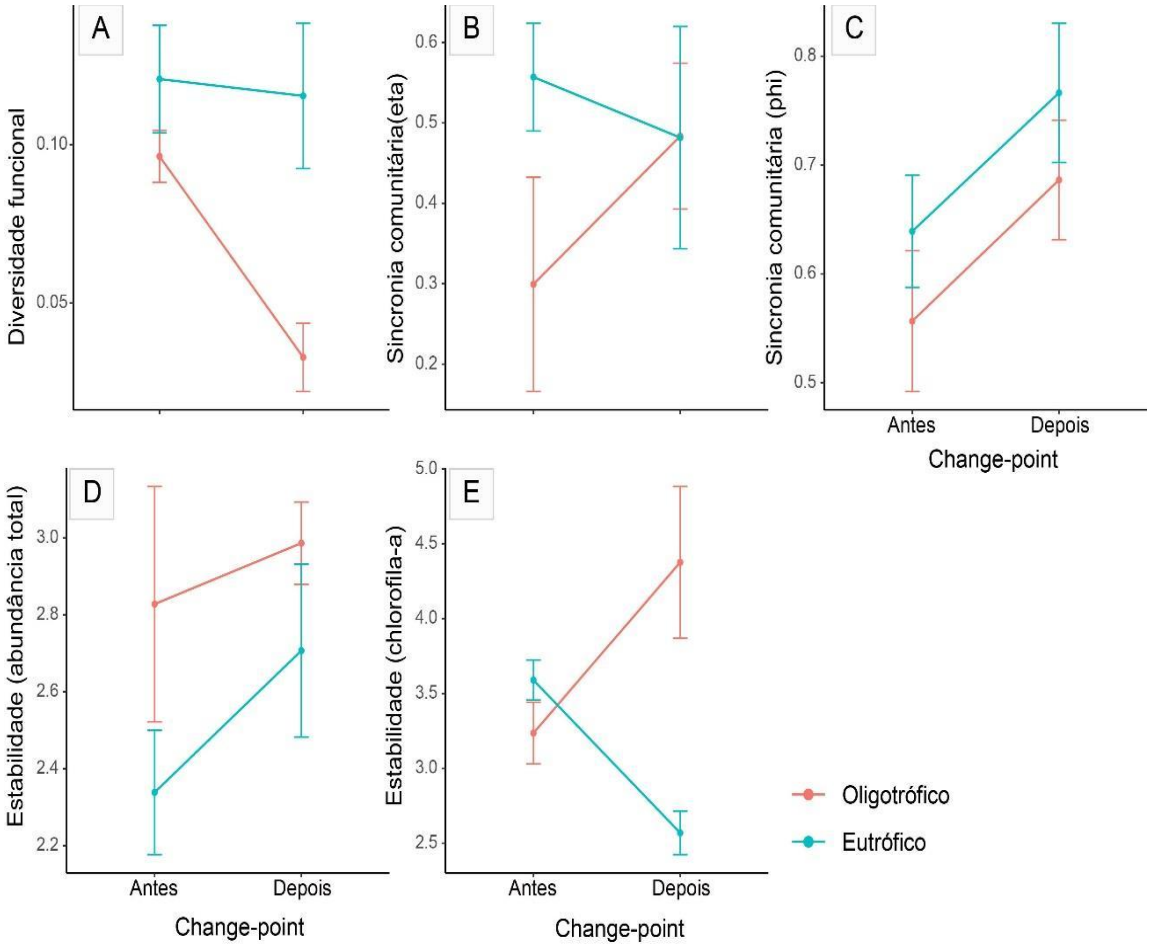


Figura 3.8.41. Métricas da comunidade fitoplanctônica estimadas nos grupos oligotrófico e eutrófico antes e após o 26º dia do experimento (change-point). (A) diversidade funcional; (B) sincronia comunitária (η_w - eta); (C) sincronia comunitária (φ - phi); (D) estabilidade da abundância total; e (E) estabilidade da clorofila-a.

Estudo 04 - Mecanismos promotores de sincronia interespecífica e relações de diversidade-estabilidade em comunidades de peixes de planície de inundação

A competição e as respostas similares à variação ambiental são os principais mecanismos que promovem dinâmicas compensatórias e síncronas, respectivamente. No entanto, inferências mais robustas sobre esses mecanismos podem ser alcançadas ao testar as relações entre sincronia interespecífica e similaridade (funcional e filogenética) entre as espécies. Neste trabalho, nós avaliamos essas relações para espécies de peixes da planície de inundação do Alto Rio Paraná, utilizando dados de abundância coletados ao longo de 18 anos em nove ambientes (incluindo rios e lagoas). Nós também investigamos as relações entre sincronia da comunidade, estabilidade temporal da abundância total da comunidade e diversidade (funcional e filogenética). Essas relações foram analisadas para a comunidade inteira e para guildas alimentares (detritívoros, herbívoros, invertívoros, omnívoros e piscívoros).

Nós calculamos a sincronia entre pares de espécies através de correlações de Spearman. Usando regressões quantílicas, encontramos que a sincronia interespecífica diminuiu com a distância funcional e filogenética (Fig. 13.8.42), destacando o papel de respostas semelhantes à variação ambiental na determinação da dinâmica temporal. Para cada local (comunidade), calculamos a sincronia comunitária com as métricas φ (Loreau & de Mazancourt 2008) e η (Gross et al. 2014), a estabilidade através do coeficiente de variação temporal da abundância total, e as diversidades funcional e filogenética. Em geral, encontramos correlações negativas entre a sincronia comunitária e a estabilidade das comunidades de peixe (Fig. 13.8.42). As correlações entre as métricas de diversidade e a estabilidade foram baixas (Fig. 13.8.43). Na análise com as guildas alimentares, a estabilidade aumentou com a diversidade funcional (r = 0,68) e a diversidade filogenética (r = 0,67) para os omnívoros. Em geral, os resultados mostraram que o efeito das diversidades funcional e filogenética sobre a estabilidade das comunidades de peixe não foi tão consistente quanto a relação entre sincronia e estabilidade dessas comunidades.

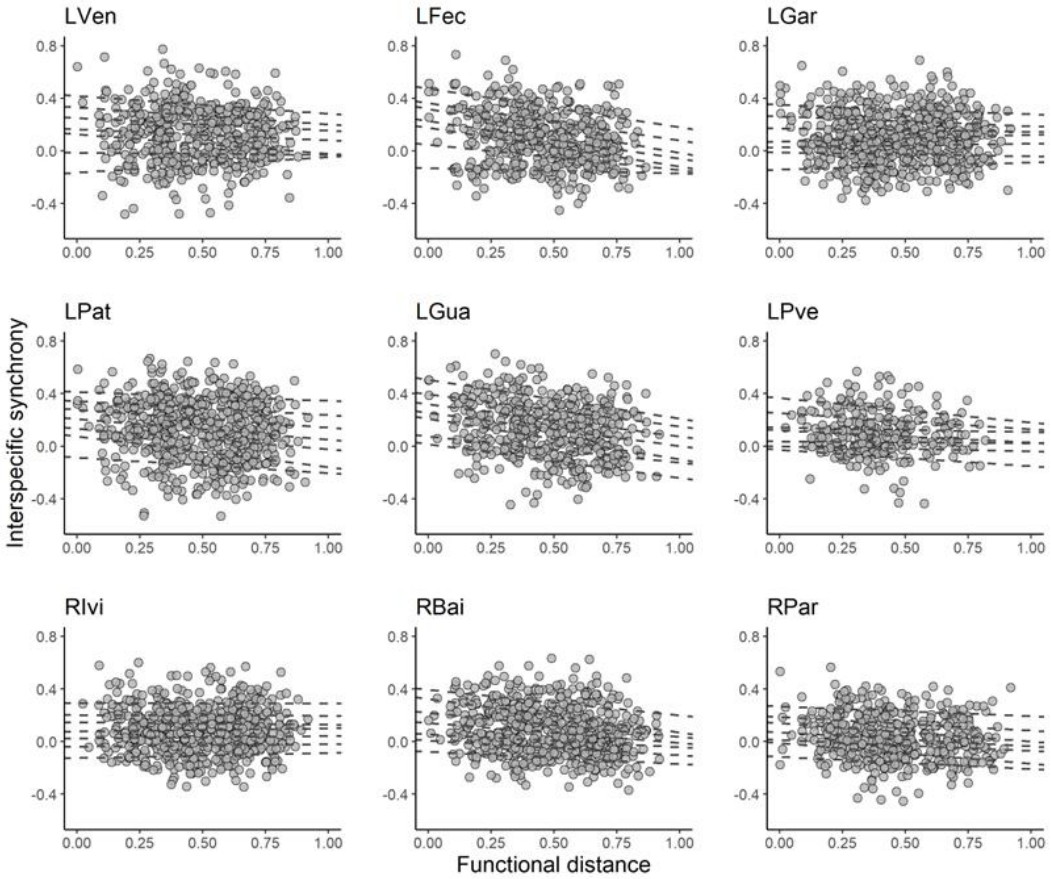


Figura 3.8.42. Relação entre sincronia interespecífica e distância funcional entre espécies para nove comunidades da planície de inundação do Alto Rio Paraná. Cada linha pontilhada representa o modelo ajustado a um percentil (12,5%, 25%, 37,5%, 50%, 62,5%, 75% e 87,5%).

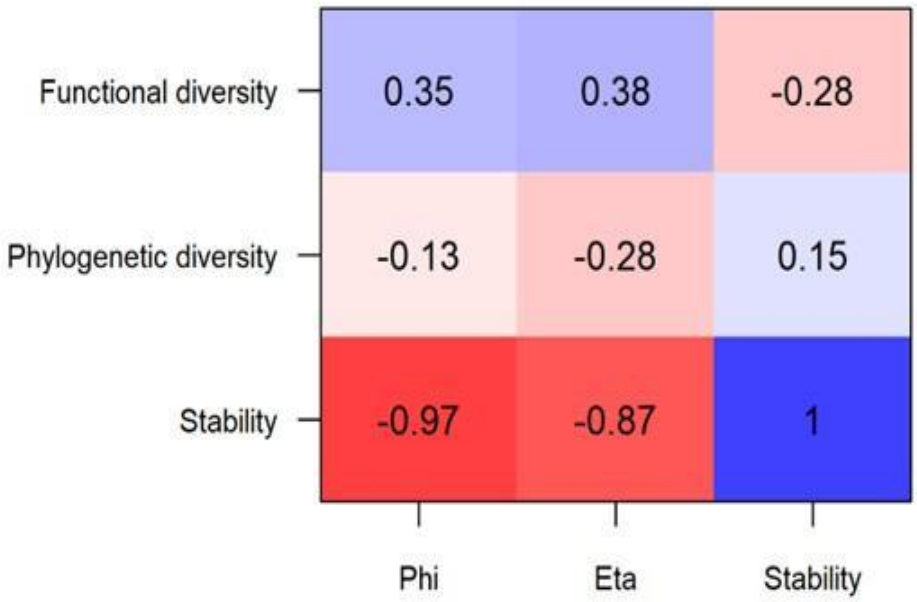


Figura 3.8.43. Correlações de Spearman entre estabilidade, diversidade funcional, diversidade filogenética e as métricas de sincronia comunitária (Phi e Eta), para comunidades de peixe da planície de inundação do Alto Rio Paraná.

Monitoramento ambiental e da biodiversidade aquática no rio Araguaia

Este foi um estudo realizado com extensa malha amostral na região do médio rio Arguaia e que está possibilitou o desenvolvimento de oito estudos específicos (ver abaixo). A expedição nomeada como Araguaia Vivo 2023, compreendeu 25 dias embarcados, entre os dias 05 de fevereiro a 01 de março do ano de 2023, e outros dois dias para os deslocamentos de ida e volta da equipe até os locais de embarque e desembarque no rio Araguaia, dias 04 de fevereiro e 02 de março de 2023, respectivamente.

A Expedição Araguaia Vivo 2023 amostrou 140 lagos, sendo 04 no córrego Água Limpa, 15 no rio Vermelho, 11 no rio do Peixe, 04 no rio Crixás, 24 no rio Cristalino, 38 no rio das Mortes e 44 no rio Araguaia. Em relação às distâncias, foram percorridos cerca de 3000 km entre trechos de idas e voltas na bacia hidrográfica do rio Araguaia, compreendendo cerca de 56 km no córrego Água Limpa, 184 km no rio Vermelho, 110 km no rio do Peixe, 92 km no rio Crixás, 248 no rio Cristalino, 740 no rio das Mortes e 1510 no rio Araguaia (percursos de idas e voltas, mas sem considerar os deslocamentos dentro dos lagos) (Figura 3.8.44 e Fig. 3.8.45).

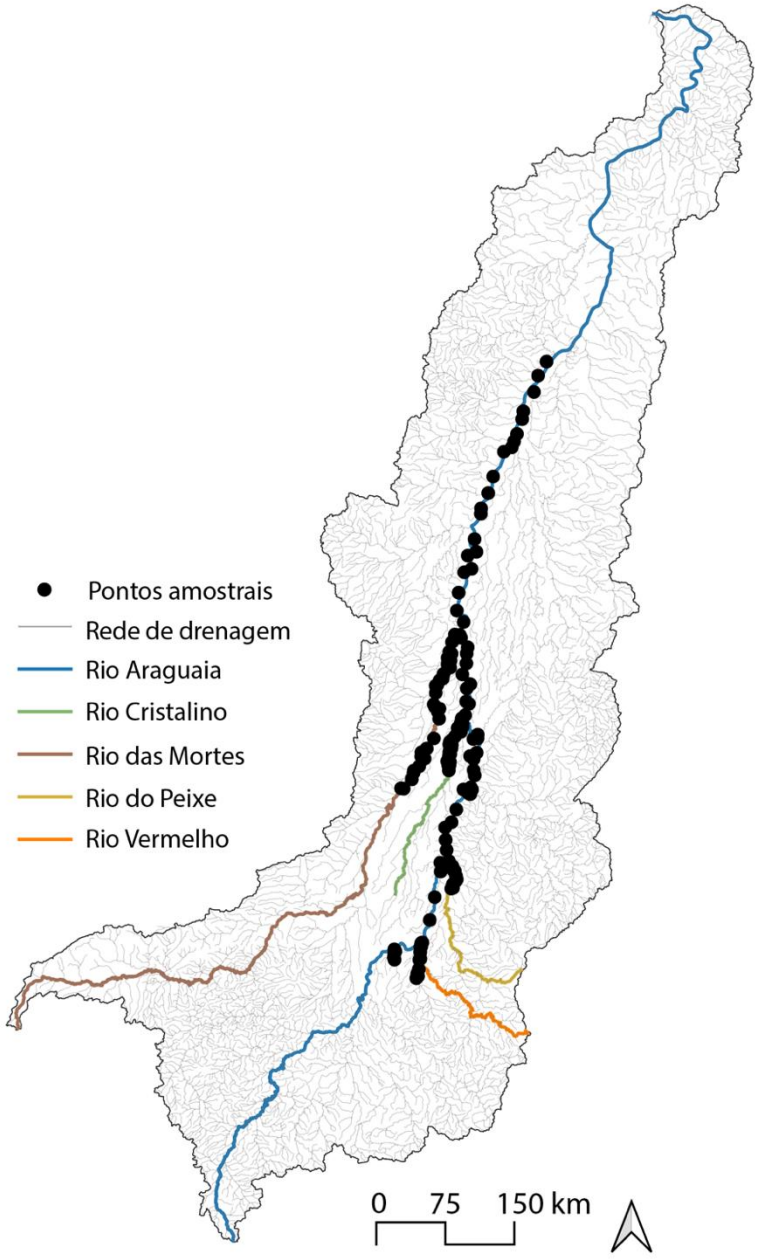


Fig. 3.8.44. Pontos amostrados ao longo do Rio Araguaia, na expedição do INCT em fevereiro de 2023.



Figura 3.8.45. Fotos da expedição Araguaia Vivo 2023 (INCT EECBio).

A Expedição serviu como um excelente “guarda-chuva” para o desenvolvimento de oito projetos de pesquisa, contemplando temáticas ecológicas, genéticas e ambientais, cada qual com suas perguntas e objetivos de pesquisa particulares. Os temas dos projetos contemplados foram:

1. Aspectos ecológicos e da diversidade biológica da comunidade de fitoplâncton;
2. Aspectos ecológicos e da diversidade biológica da comunidade de zooplâncton;
3. Aspectos ecológicos e da diversidade biológica da comunidade de macrófitas aquáticas;
4. DNA ambiental da biodiversidade;
5. Caracterização física e química da água;
6. Avaliação da capacidade de otimização de programas de monitoramento ambiental por meio de imagens geradas por drones;
7. Estrutura genética de populações de macrófitas aquáticas e implicações na dispersão de propágulos;
8. Caracterização da acumulação de mercúrio (Hg) nos sedimentos e água dos lagos e em suas comunidades biológicas (macrófitas aquáticas e peixes).

A equipe da expedição foi composta por dois grupos, sendo um contendo os participantes de campo e outro com aqueles pesquisadores com suporte na instituição sede (UFG/INCT EECBio). A equipe de campo foi composta por 20 integrantes, sendo coordenada pelos professores João Carlos Nabout (UEG) e Ludgero Cardoso Galli Vieira (UnB) e composta pelos doutorandos Bruno Rhanniery Batista dos Santos (UEG), Lucas Cabrera Monteiro (UnB) e Diego Ortiz da Silva (UFG), pelos mestrandos Marcela Fernandes de Almeida (UEG), Ariany Tavares de Andrade (UEG), Lígia Pereira Borges de Mesquita (UFG), Jocilane Santos de Jesus (UFG), André Luiz Alves Pereira (UFG), Leonardo Almeida Guerra dos Santos (UFG) e Hayla Aparecida Oliveira Santos (UEG) e graduandos Igor Rodrigues dos Santos (UFG), Emily Dornelas de Oliveira (UEG) e Thaís Sampaio Silva (UEG). Além dessa equipe relacionada com as universidades, a equipe de campo também contou com um cozinheiro (Stanislau Pinto Brandão), capitão e maquinista do barco hotel (Carlinhos e Gonçalo, respectivamente) e dois barqueiros profissionais (Crispim e Manuel). A equipe de suporte na instituição sede (UFG/INCT EECBio) foi composta pelos professores José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Mariana Pires Telles (UFG) Thannya Soares (UFG) e Priscilla de Carvalho (UFG) e pela auxiliar de pesquisa Thais Castro (UFG).

Portanto, diversos trabalhos acadêmicos (dissertações de mestrados, teses de doutorado e artigos científicos) estão em processo de desenvolvimento vinculados como produtos diretos resultantes da Expedição Araguaia Vivo. Além disso, por meio da Expedição, diversas reportagens televisivas e em redes sociais foram produzidas e divulgadas para toda a sociedade (observar que as matérias televisivas da rede Globo de televisão, apesar de parecidas, diferem um pouco em seus conteúdos):

1. Jornal Hoje https://globoplay.globo.com/v/11519182/
2. Bom Dia Tocantins (*reportagem mais completa) https://globoplay.globo.com/v/11521409/
3. Bom Dia Goiás https://globoplay.globo.com/v/11520967/
4. Jornal Anhanguera 1ª Edição – GO https://globoplay.globo.com/v/11522869/
5. Jornal Anhanguera 2ª Edição – TO https://globoplay.globo.com/v/11520066/
6. Jornal do Campo GO e Jornal do Campo TO: https://globoplay.globo.com/v/11535778/ e https://globoplay.globo.com/v/11538774/
7. UnB Notícias: https://noticias.unb.br/117-pesquisa/6406-unb-participa-de-expedicao-cientifica-ao-rio-araguaia
8. UnB TV: https://www.youtube.com/watch?v=DeSjjYMJw28&t=3s
9. Governo Municipal de São Félix do Araguaia: https://www.saofelixdoaraguaia.mt.gov.br/?p=18686
10. Destaque Goiás: https://destaquegoias.com.br/noticia/712/ueg-participa-da-expedicao-araguaia-vivo-2023
11. TV UFG: https://www.youtube.com/watch?v=vJP68XDPztg
12. Jornal ((o))eco: https://oeco.org.br/reportagens/a-ilha-do-bananal-esta-desaparecendo/

Finalmente, é importante ressaltar que, no contexto dos projetos sobre o Rio Araguaia propostos em 2023 no GT em Ecologia Aquática (mas incorporando também ações dos GTs em “Macroecologia e Macroevolução” e “Modelagem de Nicho e Mudança Climática”), estabeleceu-se recentemente uma outra parceria, com a *Tropical Water Research Alliance* (TWRA) (ver https://www.thetwra.org/) (ver seção 4.6). Nesse contexto, iniciou-se o programa de pesquisa e conservação “Araguaia Vivo 2030”, que está estruturado em torno de 11 “Atividades” (subprojetos) integradas entre si, cada uma delas incorporando diferentes balanços entre ações de pesquisa (i.e., levantamento de informações), aplicações, desenvolvimento ou adequação de novas tecnologias, formação de recursos humanos e extensão, trabalhando dentro do conceito de Gestão Integrada da Bacia Hidrográfica no Rio Araguaia (Fig. 3.8.46). Dessas atividades, 4 são coordenadas por Pis ou ex-bolsistas previamente associados ao EECBio (além da coordenação geral do projeto e do conselho gestor), especialmente aquelas ligadas à questões de biodiversidade, análises espaciais e gerenciamento de dados (Atividades 2, 8, 9 e 11).

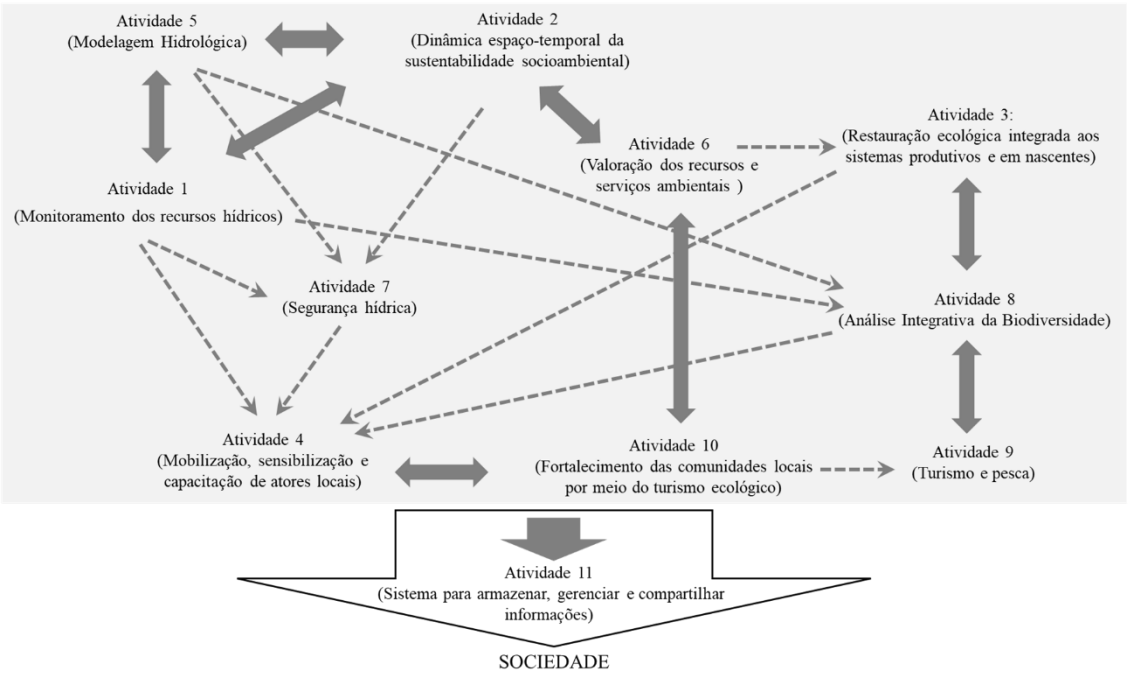


Figura 3.8.46. Algumas ligações potenciais entre as atividades previstas no “Programa Araguaia Vivo 2030”, uma parceria entre a TWRA e o INCT EECBio apoiada pela FAPEG. No esquema, as setas mais largas indicam interações mais efetivas e compartilhamento de abordagens e sinergia de metodologias, e as setas tracejadas finas indicando alguns potenciais de uso de dados (ver texto para detalhes). A atividade 11, que prevê a construção e elaboração de ferramentas de integração de banco de dados e um portal de visibilidade do programa, deve funcionar como um catalisador das informações e sua transferência para diferentes setores da sociedade.

Estudo 01 - Avaliação das concentrações de mercúrio e identificação dos fatores que controlam a produção de metilmercúrio nos sedimentos lacustres (Resultados preliminares).

Este estudo faz parte da tese do doutorando Lucas Cabrera Monteiro, orientado por Ludgero Cardoso Galli Vieira e José Vicente Elias Bernardi no PPG Ecologia da Universidade de Brasília.

Esse estudo objetivou avaliar a distribuição de mercúrio no sedimento de lagos da planície de inundação do rio Araguaia, e ainda investigar os fatores associados a produção do metilmercúrio. As amostras de sedimento de fundo foram coletadas em 129 lagos da planície de inundação do rio Araguaia, categorizados de acordo com as características geomorfológicas e geológicas, sendo: (i) Araguaia, à montante da Ilha do Bananal (n = 20); (ii) Araguaia, na Ilha do Bananal (n = 19); (iii) Tributários da margem direita (rios Água Limpa, Vermelho, do Peixe e Crixás-Açú; n = 34); e (iv) Tributários da margem esquerda (rios Cristalino e das Mortes; n = 56).

As concentrações de mercúrio total (THg) variaram entre <26,3 e 133,9 ng g^{-1} (66,0 ± 25,8 ng g^{-1}) e as concentrações de metilmercúrio (MeHg) variaram entre 0,08 e 29,6 ng g^{-1} (1,3 ± 3,2 ng g^{-1}), com proporção de MeHg entre 0,9 e 22,1% (1,9 ± 3,2%). Os dois primeiros eixos da PCA explicaram 41,8% da variação dos dados (Figura 3.8.47). A discriminação das unidades amostrais pelo primeiro eixo da PCA corroborou com a classificação dos sistemas fluviais realizada *a priori*. As concentrações e proporções de MeHg, potencial de oxidação-redução, profundidade dos lagos e as proporções de áreas alagadas foram positivamente correlacionadas com o eixo 1, associadas ao rio Araguaia, na Ilha do Bananal, e aos tributários da margem esquerda. Por outro lado, as concentrações de THg, conteúdo de matéria orgânica, intensidade de uso do solo e as demais variáveis foram correlacionadas negativamente com o eixo 1, sendo associadas aos lagos do rio Araguaia, à montante da Ilha do Bananal, e tributários da margem direita.

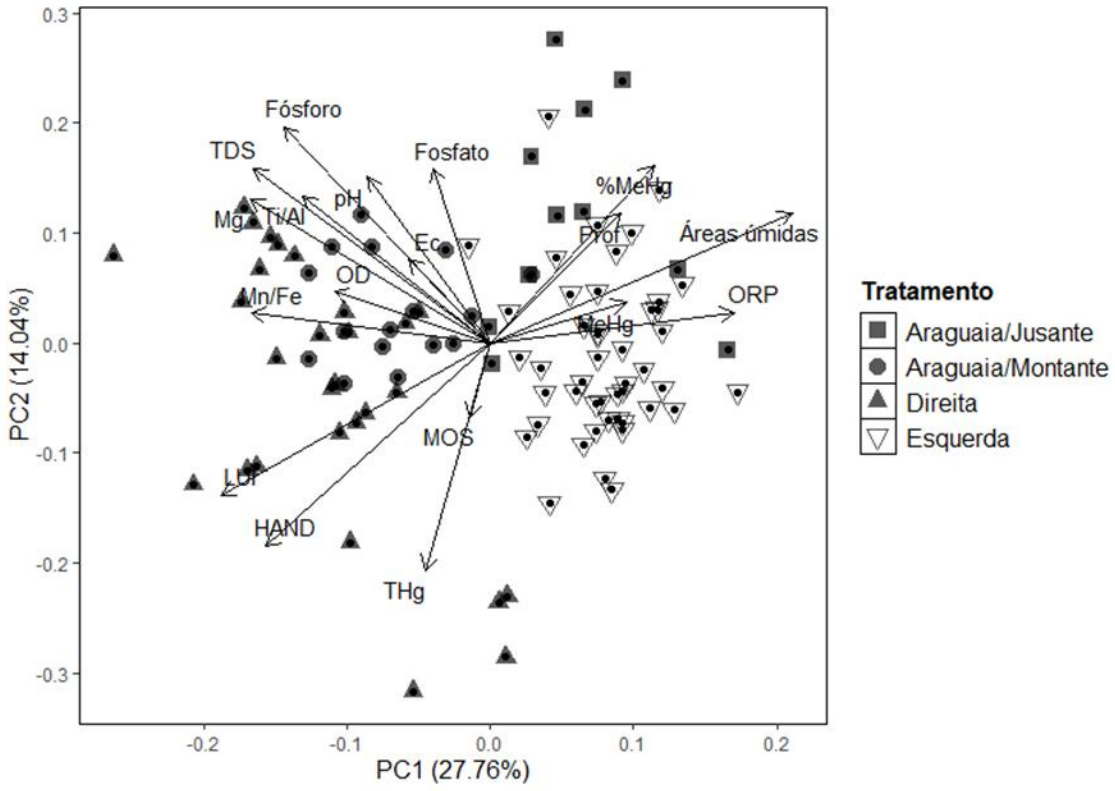


Fig. 3.8.47. Biplot representando a ordenação das variáveis e unidades amostrais de acordo com os resultados da PCA. MOS: matéria orgânica do sedimento. ORP: potencial de oxidação-redução. Prof: profundidade. Ec: condutividade elétrica. TDS: sólidos dissolvidos totais. LUI: Land Use Index. HAND: algorítimo Height Above the Nearest Drainage.

A PCA demonstrou dois padrões importantes para o transporte e transformação do Hg nos lagos. Os maiores valores da razão Ti/Al nos sedimentos de fundo indicam o maior intemperismo e contribuição de detritos litogênicos alóctones para a formação dos sedimentos de fundo (Haberzettl et al., 2008). As medidas de sólidos dissolvidos totais e a condutividade elétrica são associadas à concentração de materiais dissolvidos em ecossistemas aquáticos, indicando a erosão do solo ou o intemperismo devido às mudanças sazonais do ciclo hidrológico (Ogwueleka, 2015), mas também pode indicar o impacto das atividades agrícolas. Considerando que nossas amostras foram coletadas no período de águas altas, a precipitação e o transporte lateral de água podem influenciar as medidas de sólidos dissolvidos totais e a condutividade elétrica. No entanto, a associação destas variáveis com as concentrações de fósforo e fosfato reforçam o impacto das áreas agrícolas, indicando a lixiviação dos nutrientes aplicados na agricultura e dos dejetos dos animais (Bhateria e Jain, 2016). Por outro lado, a relação inversa das concentrações e proporções de MeHg com a razão Mn/Fe no sedimento de fundo, oxigênio dissolvido e pH da água, assim como a associação positiva com a proporção de áreas alagadas no entorno dos lagos, indicam o efeito

positivo das condições redutoras para a metilação do Hg (DeLaune et al., 2004; Wang et al., 2021).

Estudo 02 - Bioacumulação e biomagnificação de mercúrio nos peixes (Resultados preliminares)

Este estudo faz parte da tese do doutorando Lucas Cabrera Monteiro, orientado por Ludgero Cardoso Galli Vieira e José Vicente Elias Bernardi no PPG Ecologia da Universidade de Brasília.

Esse estudo objetivou avaliar a concentração de mercúrio em peixes amostrados na bacia do Rio Araguaia. As amostras de peixes foram coletadas em 106 lagos da planície de inundação do rio Araguaia, totalizando 958 indivíduos de 36 espécies e sete guildas tróficas: herbívoro (n = 1), detritívoros (n = 116), planctívoros (n = 44), invertívoros (n = 53), carnívoros (n = 245) e piscívoros (n = 93). As concentrações de mercúrio total (THg) variaram entre 0,018 e 2,057 mg kg^{-1}, com média de 0,247 ± 0,243 mg kg^{-1}. Apenas 29 indivíduos apresentaram concentrações de THg acima do limite estabelecido pela ANVISA (Brasil, 2013), sendo duas espécies não predadoras (0,5 mg kg^{-1}): *Anodus orinocensis* (n = 1) e *Triportheu*s sp. (n = 5); e duas espécies predadoras (1 mg kg-1): *Pellona castelnaeana* (n = 1) e *Agoniates halecinus* (n = 22).

As concentrações de THg foram significativamente diferentes entre as guildas tróficas (KW = 523,7; p < 0,0001) (Figura 3.8.48). As menores concentrações foram determinadas nos indivíduos detritívoros (0,061 ± 0,03 mg kg^{-1}) (p < 0,0001) em relação aos planctívoros (0,157 ± 0,098 mg kg^{-1}), invertíveros (0,151 ± 0,062 mg kg^{-1}) e onívoros (0,171 ± 0,091 mg kg^{-1}), que não apresentaram diferença significativa entre si (p > 0,05). As concentrações de THg nos carnívoros (0,312 ± 0,142 mg kg^{-1}) foram significativamente mais elevadas em comparação com as espécies que ocupam níveis tróficos inferiores, mas foram menores que as concentrações determinadas nos piscívoros (0,739 ± 0,429 mg kg^{-1}) (p < 0,0001). As concentrações de THg em herbívoros não foram comparadas devido ao baixo número de amostras (0,051 mg kg^{-1}, n = 1).

A maior concentração de THg nos indivíduos piscívoros e carnívoros reflete o processo de biomagnificação na cadeia trófica, corroborando com com estudos prévios realizados no Brasil (Dórea et al., 2007; Beltran-Pedreros et al., 2011; Silva et al., 2020; Azevedo et al., 2020; Moraes et al., 2023). No entanto, as concentrações similares entre indivíduos planctívoros, onívoros e invertívoros devem ser influenciadas pela

abundância de recursos promovida pelo pulso de inundação (Azevedo et al., 2020). Assim, a avaliação das concentrações de Hg no período de águas baixas contribuirá para a compreensão dos padrões de bioacumulação nas diferentes guildas tróficas entre os períodos sazonais de inundação.

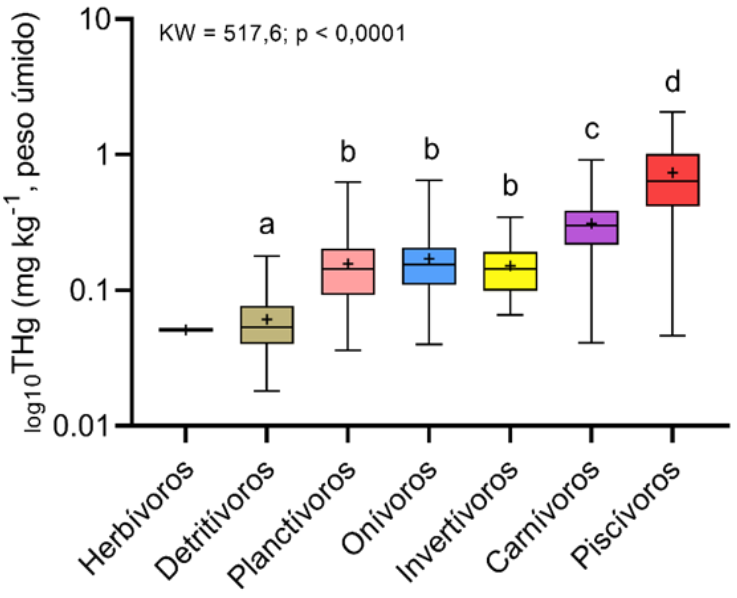


Fig. 3.8.48. Comparação das concentrações de THg entre as guildas tróficas. As letras indicam diferenças significativas determinadas pelo teste de Dunn ($p < 0,0001$). A guilda herbívora não foi incluída na comparação ($n = 1$). O eixo Y foi convertido para

Estudo 04 - Levantamento taxonômico da comunidade fitoplanctônica e zooplanctônica

Neste trabalho, apresentamos o levantamento da comunidade fitoplanctônica e zooplanctônica (amebas testáceas, cladóceros, copépodes e rotíferos), em lagos conectados ao rio Araguaia e afluentes. As coletas foram realizadas em janeiro de 2023, no período de águas altas (ver Figs. 13.8.49 em diante). A coleta se deu pela distribuição espacial de 140 unidades amostrais. Foram selecionados lagos permanentes distribuídos entre as margens oeste e leste ligados ao rio Araguaia e seus tributários: córrego Água Limpa, rio Vermelho, rio Crixás, rio Cristalino, rio do Peixe e rio das Mortes. O zooplâncton foi coletado na coluna d'água utilizando uma rede de plâncton com abertura de malha de 68 µm. Foram filtrados 1000 litros de água utilizando uma moto-bomba. As amostras foram preservadas utilizando formaldeído 4% e tamponadas com tetraborato de sódio (bórax) e posteriormente, armazenadas em frascos de polietileno.

Para a identificação dos organismos e o cálculo das densidades em microscópio óptico, as amostras foram concentradas e subamostradas com pipeta de Hensen-Stempel, sendo posteriormente inseridas em uma câmara do tipo Sedgewick-Rafter para a obtenção do quantitativo de indivíduos (mínimo de 200 indivíduos por unidade amostral). Adicionalmente, foram realizadas análises qualitativas por meio de novas subamostragens, até que não houvesse registro de novos táxons. Ao final do processo de identificação, a proporção de indivíduos por m³ foi estimada.

A identificação dos organismos zooplanctônicos se deu através das características morfológicas dos organismos e, para isso, foram utilizadas chaves de identificação para cada grupo: amebas testáceas, cladóceros, copépodes e rotíferos. Já para o fitoplâncton foram amostrados 100 mL de água e fixadas com solução de Lugol-acético modificada e estocadas no escuro. A densidade do fitoplâncton foi estimada pelo método de Utermöhl em microscópio invertido Zeiss Axiovert25 de 450 aumentos com um tempo de sedimentação de pelo menos três horas para cada centímetro de altura da câmara.

Para o Zooplâncton, foram estimados 4.752.493 indivíduos/m³, distribuídos em 184 espécies. Foram identificadas 6 famílias de amebas testáceas (43 espécies), 7 famílias de cladóceros (41 espécies), 2 famílias de copépodes (15 espécies, incluindo 2 fases nauplii) e 1 ordem. Por fim, foram registradas 19 famílias pertencentes ao grupo dos rotíferos (85 espécies) e 1 classe.

Já para o fitoplâncton foram identificadas 145 espécies distribuídas em 10 classes taxonômicas, são elas: Bacillariophyceae, Chlorophyceae, Chrysophyceae, Coscinodiscophyceae, Cryptophyceae, Cyanobacteria, Dinophyceae, Euglenophyceae, Trebouxiophyceae e Zygnematophyceae. A classe Chlorophyceae apresentou a maior riqueza até o momento com 42 espécies, seguida de Zygnemaphyceae (30 espécies) e Cyanobacteria (18 espécies). Em termos de abundância, o grupo das Cyanobacteria e Chlorophyceae também se destacam com uma densidade total de 123.256 e 75.252 indivíduos por mL, respectivamente. As espécies mais frequentes no conjunto de lagoas avaliadas foram a cianobactéria *Aphanocapsa delicatissima* West & G.S.West 1912 e a clorofícea *Chloromonas* sp1 Gobi, 1899-1900. A seguir estão apresentadas registros fotográficos dos exemplares amostrados.

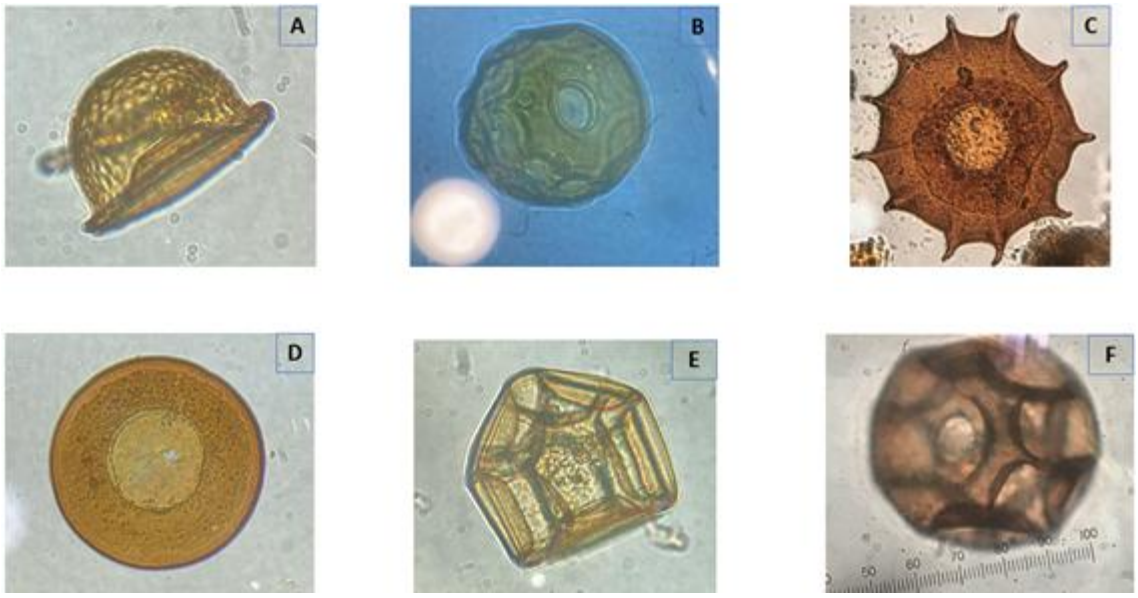


Fig. 3.8.53. Família Arcellidae: (A) Arcella brasiliensis Cunha, 1913 (B) Arcella gibbosa Penard, 1890 (C) Arcella dentata Ehrenberg, 1830, (D) Arcella discoides Ehrenberg, 1843, (E) Arcella conica (Playfair, 1918) vista lateral (F) Arcella conica (Playfair, 1918) pseudostoma

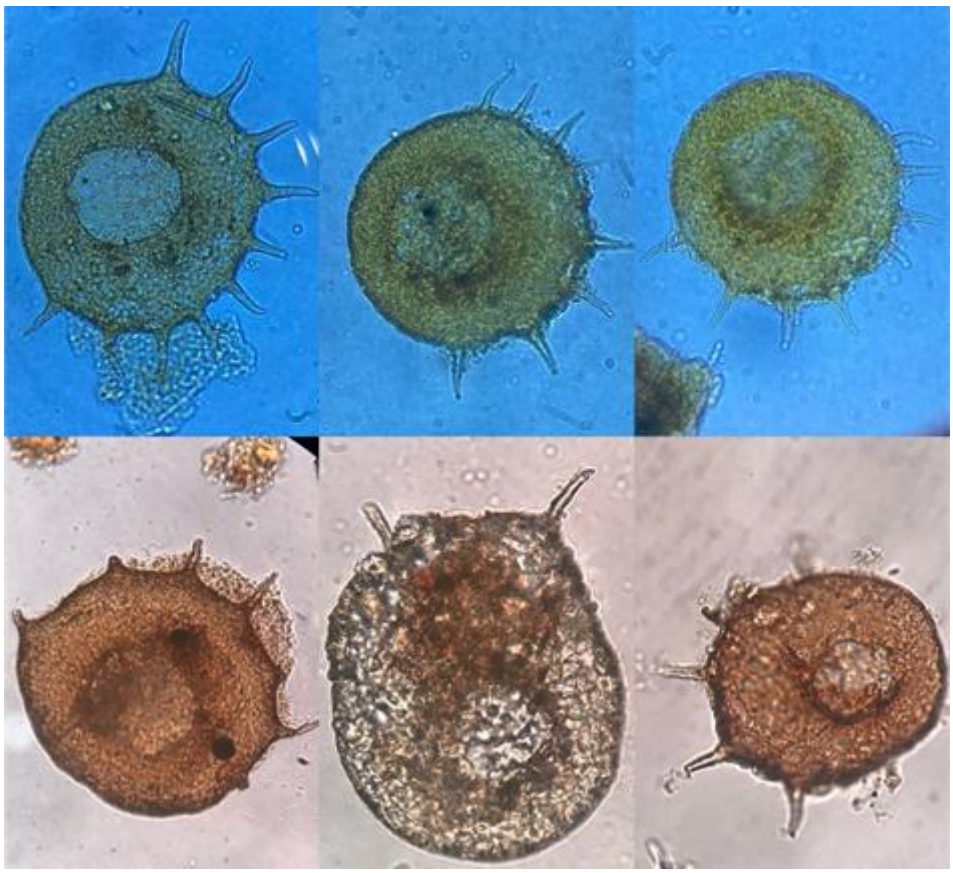


Figura 3.8.54. Família Centropyxidae: Centropyxis aculeata (Ehrenberg, 1838) e suas variações.

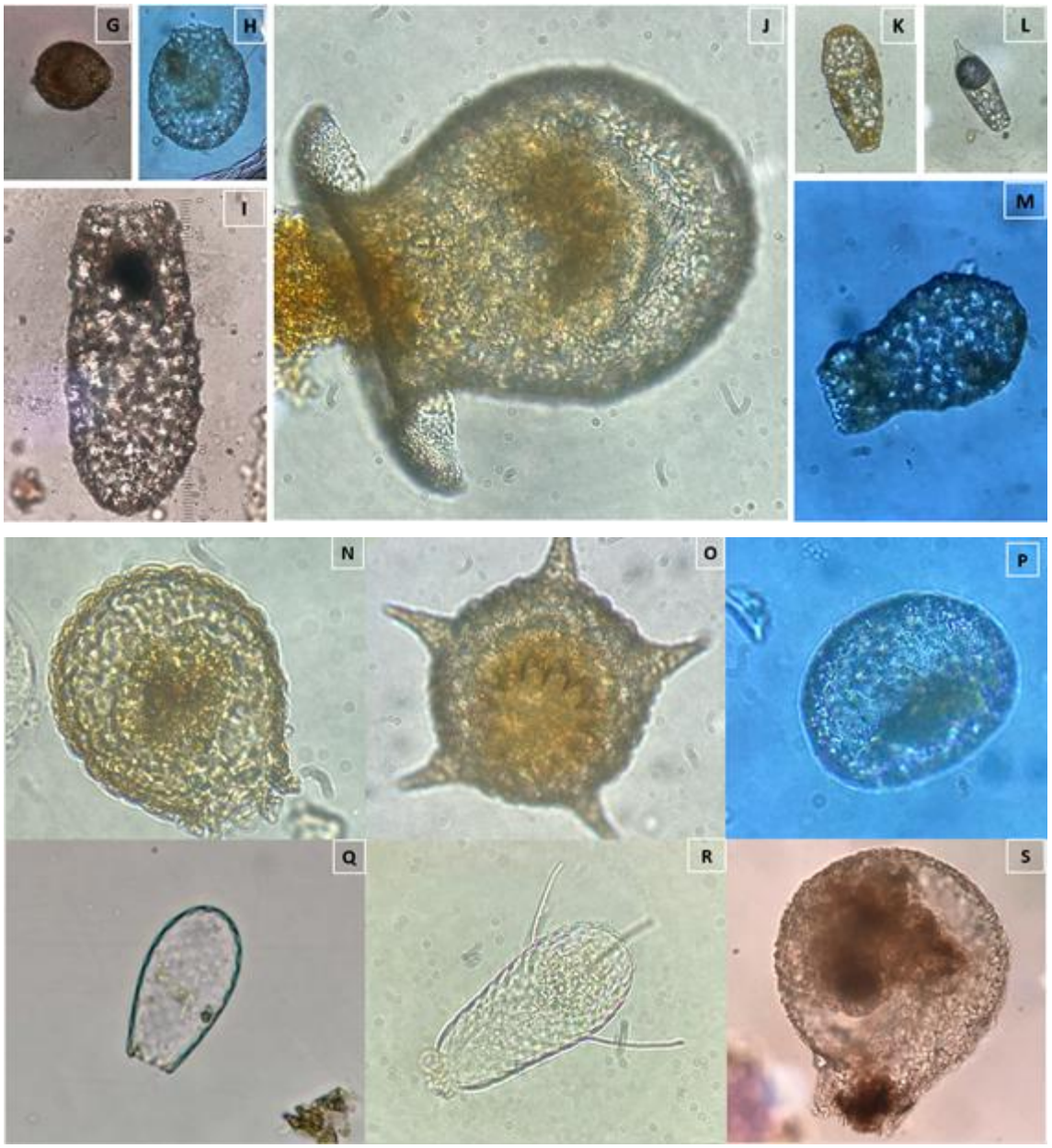


Fig. 3.8.55. Famílias Difflugiidae: (G) Difflugia difficilis Thomas, 1954 (H) Difflugia lithophila (Penard, 1902) (I) Difflugia cylindrus (Thomas, 1953) Ogden, 1983 (J) Difflugia urceolata Carter, 1864 (K) Difflugia oblonga Ehrenberg, 1838 (L) Difflugia acuminata Ehrenberg, 1838 (M) Difflugia capreolata Penard, 1902, Netzeliidae: (N) Netzelia tuberculata (Wallich, 1864) (O) Netzelia corona (Wallich, 1864) Gooma et al., 2017 , Trigonopyxidae: (P) Cyclopyxis impressa (Daday, 1905) Da Cunha, 1913, Euglyphidae: (Q) Euglypha denticulata Brown, 1912 (R) Euglypha acanthophora (Ehrenberg, 1841) e Lesquereusiidae: (S) Lesquereusia spiralis (Ehrenberg, 1840)

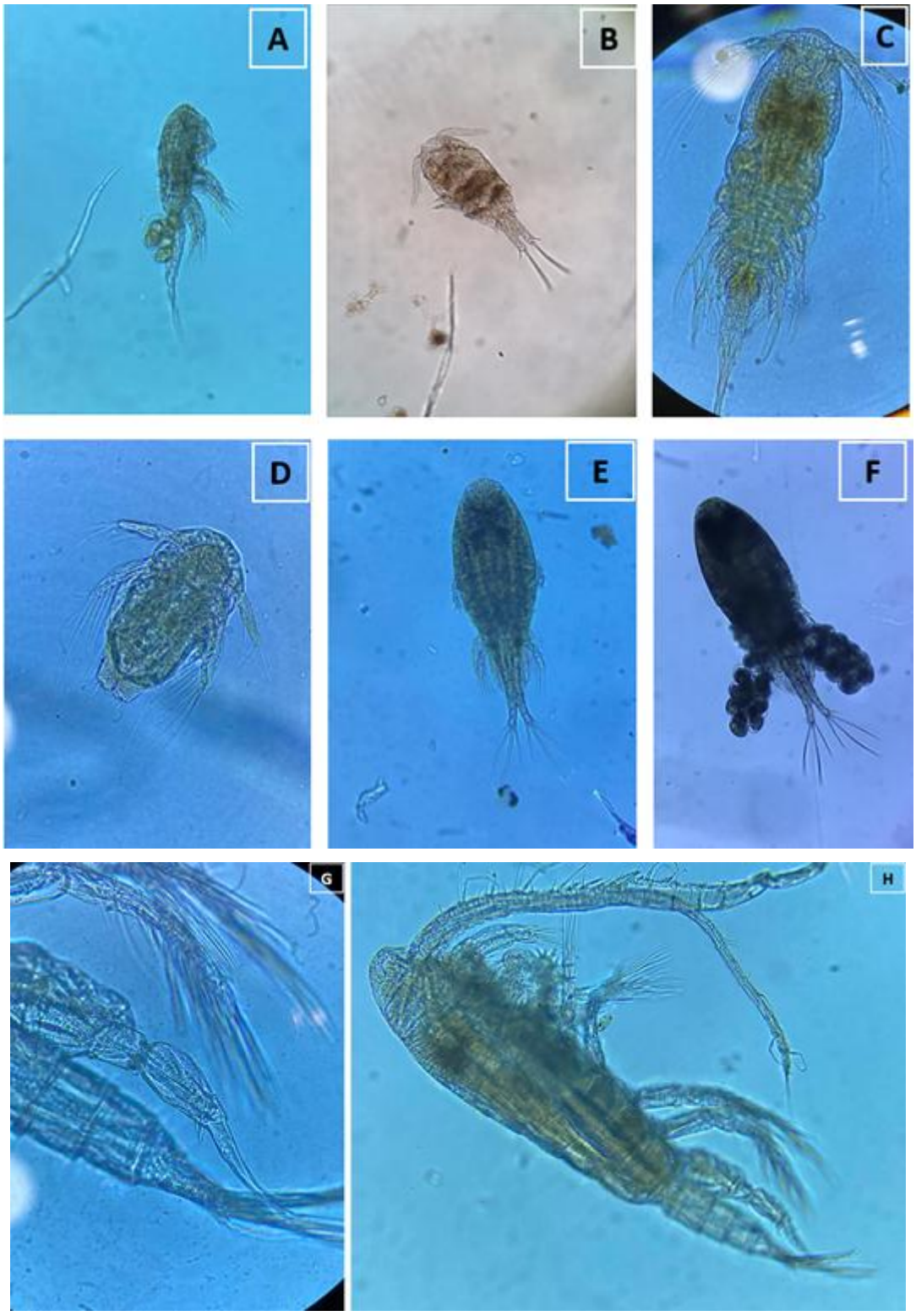


Fig.3.8.56. Famílias Cyclopidae (A) Microcyclops anceps (Richard, 1897) (B) Copepodito cyclopidae (Rafinesque, 1815) (C) Mesocyclops ellipticus (Kiefer, 1936)(D) Cyclopidae nauplii (Rafinesque, 1815) (E) Thermocyclops minutus (Lowndes, 1934) (F) Thermocyclops decipiens (Kiefer, 1929) e Diaptomidae (G) P5 Notodiaptomus sp ♂ (H) Notodiaptomus sp ♀

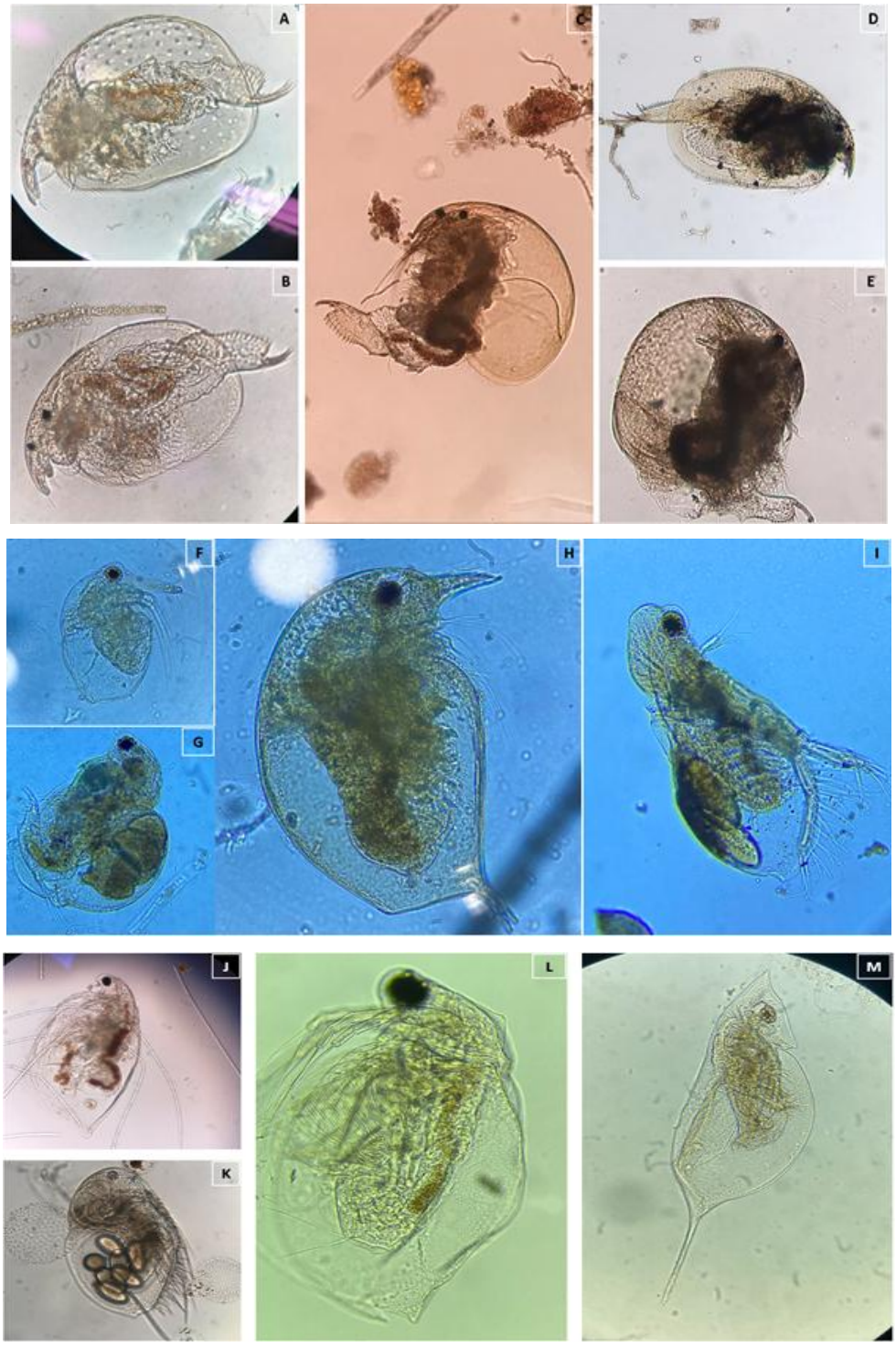


Fig 3.8.57. Famílias Chydoridae (A) Anthalona verrucosa (Sars, 1901) (B) Ovalona glabra (Sars, 1901) (C) Chydorus eurynotus Sars, 1901 (D) Oxyurella longicaudis (Birge, 1910) (E) Chydorus eurynotus Sars, 1901, Bosminadae (F) Bosminopsis deitersi Richard, 1895 (H) Bosmina tubicen Brehm, 1953, Moinidae (G) Moina minuta Hansen, 1899, Daphniidae (L) Ceriodaphnia silvestrii Daday, 1902 (M) Daphnia gessneri Herbst, 1967, Sididae (I) Diaphanosoma spinulosum Herbst, 1975 (J) Simocephalus serrulatus (Koch, 1841) Macrothricidae (K) Macrothrix elegans Sars, 1901

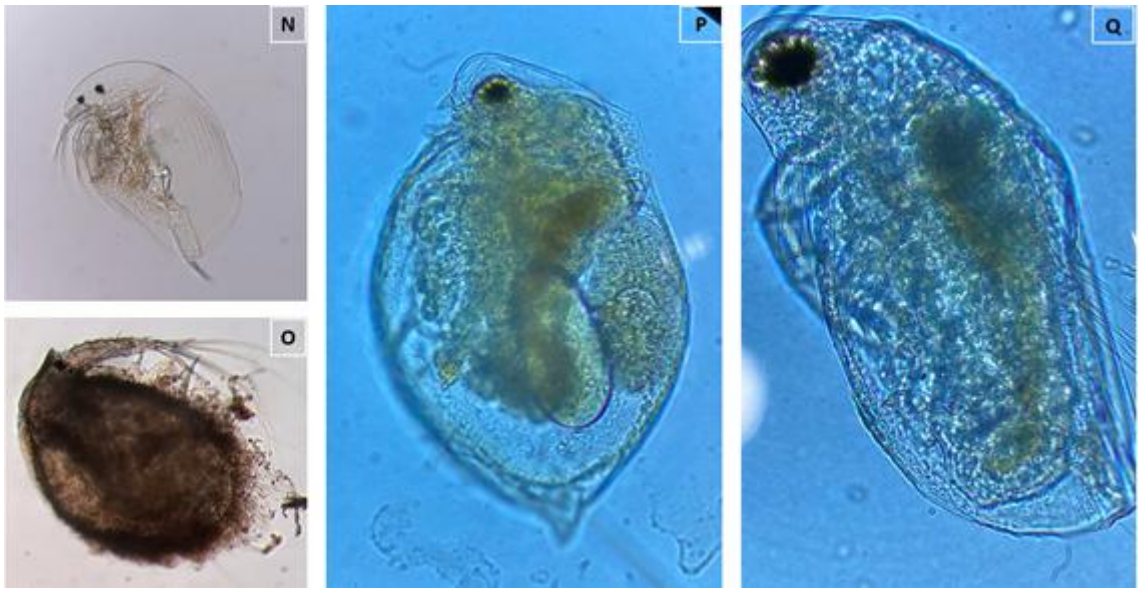


Fig 3.8.58. Famílias Chydoridae (N) Acroperus tupinamba Sinev & Elmoor-Loureiro, 2010, Ilyocryptidade (O) Ilyocryptus spinifer Herrick, 1882, Daphniidae (P) Ceriodaphnia cornuta Sars, 1885 e Moinidae Moinodaphnia macleay (King, 1853)

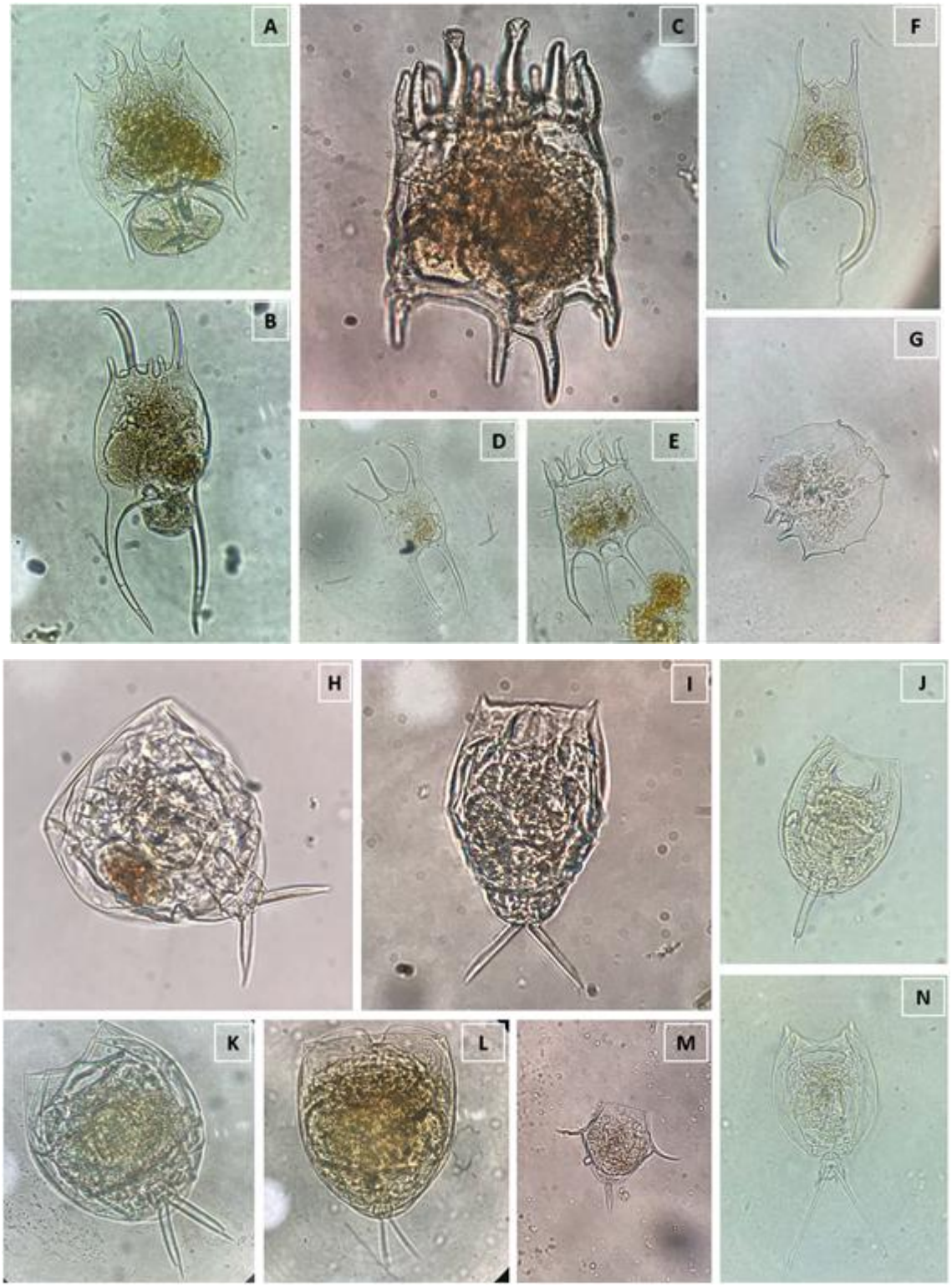


Fig 3.8.59. Família Brachionidae: (A) Brachionus quadridentatus quadridentatus Hermann, 1783 (B) Brachionus falcatus Zacharias, 1898 (C) Plationus patulus patulus (Müller, 1786) (D) Brachionus zahniseri Ahlstrom, 1934 (E) Plationus patulus macracanthus (Daday, 1905) (F) Brachionus mirus Daday, 1905 (G) Brachionus dolabratus Harring, 1914, Lecanidae (H) Lecane hornemanni (Ehrenberg, 1834) (I) Lecane sp (J) Lecane lunaris (Ehrenberg, 1832) (K) Lecane curvicornis (Murray, 1913) (L) Lecane proiecta Hauer, 1956 (M) Lecane monostyla (Daday, 1897) (N) Lecane leontina (Turner, 1892).

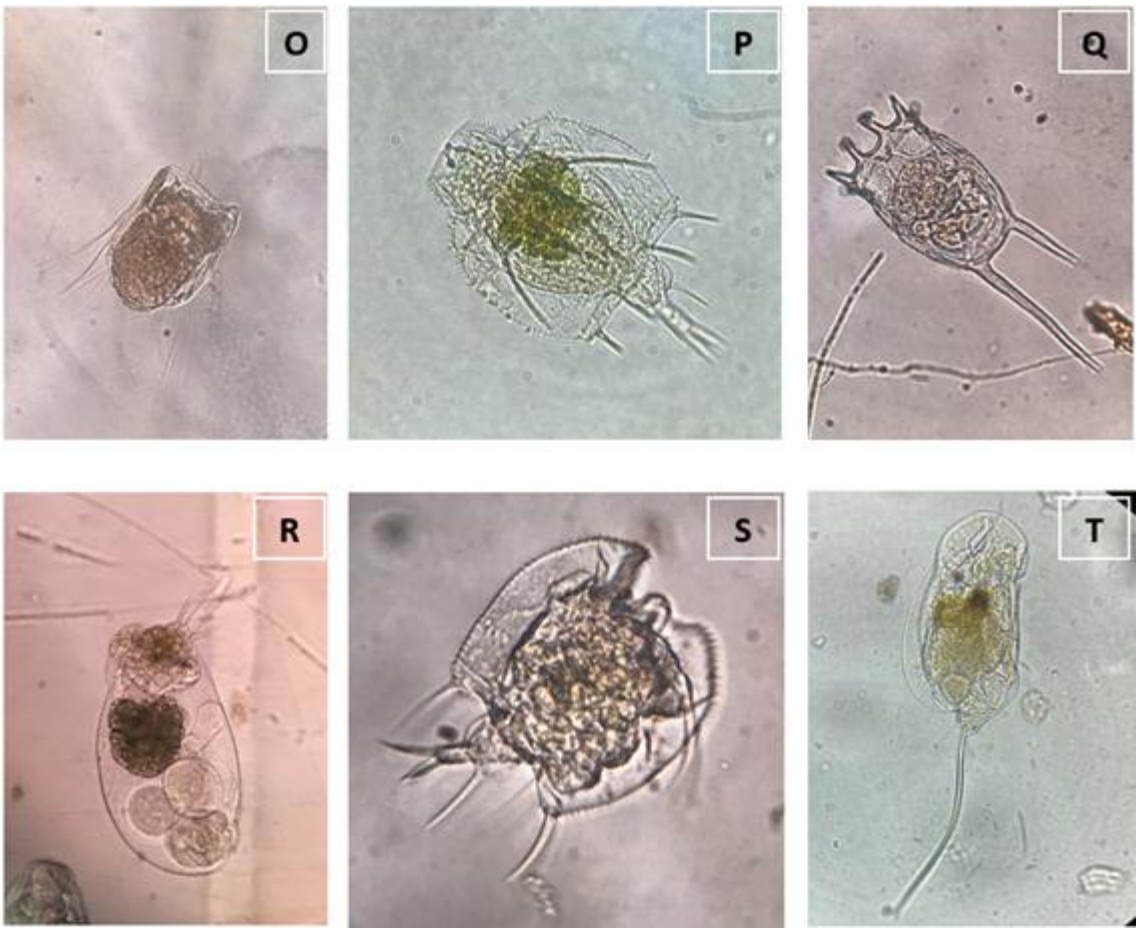


Fig 3.8.60. Famílias Synchaetidae: (O) Polyarthra dolichoptera (Idelson, 1925), Trichotriidae: (P) Macrochaetus collinsi Harring, 1913 (S) Macrochaetus sericus (Thorpe, 1893), Brachionidae: (Q) Keratella tropica (Apstein, 1907), Asplanchnidae: (R) Asplanchna siebold (Leydig, 1854) e Trichocercidae: (T) Trichocerca bicristata (Gosse, 1887)

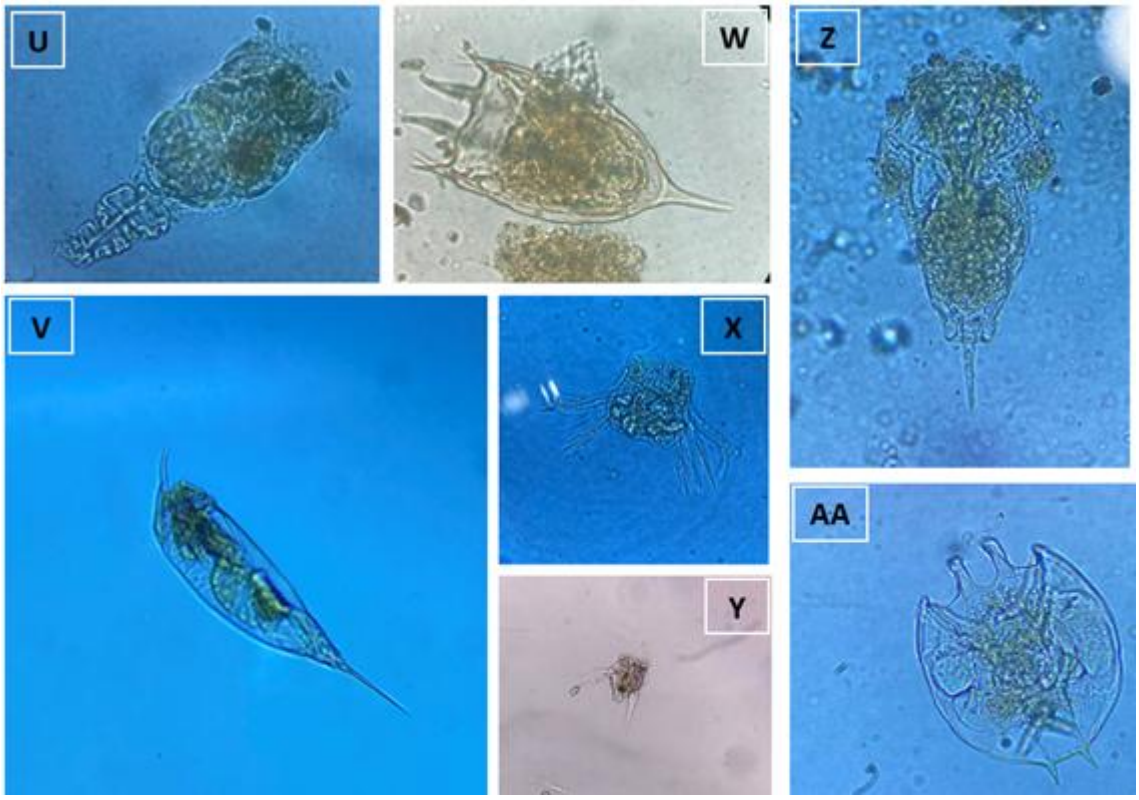


Fig 3.8.61. Famílias Conochilidae (U) Conochilus unicornis (Rousselet, 1892), Trichocercidae (V) Trichocerca cylindrica (Imhof, 1891), Brachionidae (AA) Platyias leloupi (Gillard, 1957) (W) Keratella cochlearis (Gosse, 1851), Synchaetidae (X) Polyarthra vulgaris (Carlin, 1943) (Z) Synchaeta stylata (Wierzejski, 1893) Hexarthridae (Y) Hexarthra mira (Hudson, 1871)

4. ATIVIDADES GERAIS DO EECBIO

4.1. Atividades do EECBio durante a pandemia da COVID-19

É importante destacar que, embora alguns dos projetos tenham sido parcialmente prejudicados devido a dificuldades ou impossibilidades de trabalhos de campo ou nos laboratórios durante a pandemia em 2020 e 2021, o EECBio teve um papel importante no apoio à tomada de decisões relacionadas à mitigação do impacto da pandemia da COVID-19, em diferentes momentos e envolvendo diferentes grupos de pesquisa.

4.1.1. Macroecologia e Modelagem de Expansão da Pandemia em Goiás

Inicialmente, em um contexto mais acadêmico, o *workshop* sobre "Macroecologia Humana", realizado no final de 2018, foi a base para desenvolver, logo no início da pandemia, um trabalho sobre os fatores envolvidos na expansão da COVID-19 em escala global, envolvendo vários pesquisadores e dois bolsistas DTI do EECBio (Coelho *et al.* 2020). Conforme discutido em mais detalhes nos resultados do GT em macroecologia humana (ver seção 3.1), esse trabalho veio como um trabalho em *preprint* que, a partir de uma análise utilizando modelos de nicho ecológico, sugeriu que a pandemia não iria realmente chegar aos países tropicais, como o Brasil. Nossos resultados mostraram que de fato não havia efeitos muito fortes do clima sobre as taxas de crescimento em nível de país e que a melhor explicação para a expansão inicial da COVID-19 eram as conexões aéreas. Desse modo, insistimos que seria sim preciso se preparar para um forte impacto da pandemia (o que de fato ocorreu, como é de amplo conhecimento). Participaram desse trabalho dois bolsistas DTI do EECBio, Drs. Fabricio Rodrigues e Anderson Medina. É interessante também notar que a postagem sobre os resultados do trabalho no blog "Ciência, Universidade e outras Ideias", do Prof. José Alexandre Diniz Filho (www.blogalexdiniz.com), publicado em abril de 2020, possui 8488 visualizações (até 15/02/2021).

Esse trabalho contou também com a colaboração do Dr. Paulo Scalco, da Faculdade de Administração, Economia e Contabilidade da UFG, e que auxiliou com os dados socioeconômicos globais e que, à época trabalhava na secretaria de finanças do Estado de Goiás. A partir disso, o Dr. Scalco convidou os Profs. José Alexandre e Thiago Rangel do EECBio a participarem de um grupo de professores da UFG e técnicos das secretarias de finanças e de saúde do Estado de Goiás que estavam discutindo estratégias de modelagem e análise de dados da COVID-19 que pudesse subsidiar as

tomadas de decisão no Estado. Assim, depois de algumas discussões, desenvolvemos e apresentamos ao grupo um da classe modelo SIR (Suscetíveis, Infectados e Recuperados), mas baseado em uma estratégia de simulação baseado no indivíduo (*Individual-Based Models*, IBM), similar à utilizada nos modelos de evolução em ilhas do GT do EECBio (ver acima). O SIR foi elaborado a fim de projetar a expansão da COVID-19 e o seu impacto no sistema de saúde (em termos de número de hospitalizações e óbitos), sendo, portanto, extremamente importante em termos de apoio à tomada de decisão. O Prof. José Alexandre fez uma primeira implementação do IBM em R, calibrado com a ajuda da Profa. Cristiana Toscano do Instituto de Patologia Tropical (IPTSP) da UFG, que também fazia parte do grupo inicial, e o modelo foi utilizado como base para as primeiras decisões sobre a implementação da quarentena e depois organização das atividades essenciais em Goiás (Fig. 4.1). Essas análises fazem parte do anexo do Decreto Nº 9.653, de 19 de abril de 2020, que "dispõe sobre a decretação de situação de emergência na saúde pública do Estado de Goiás, em razão da disseminação do novo coronavírus".

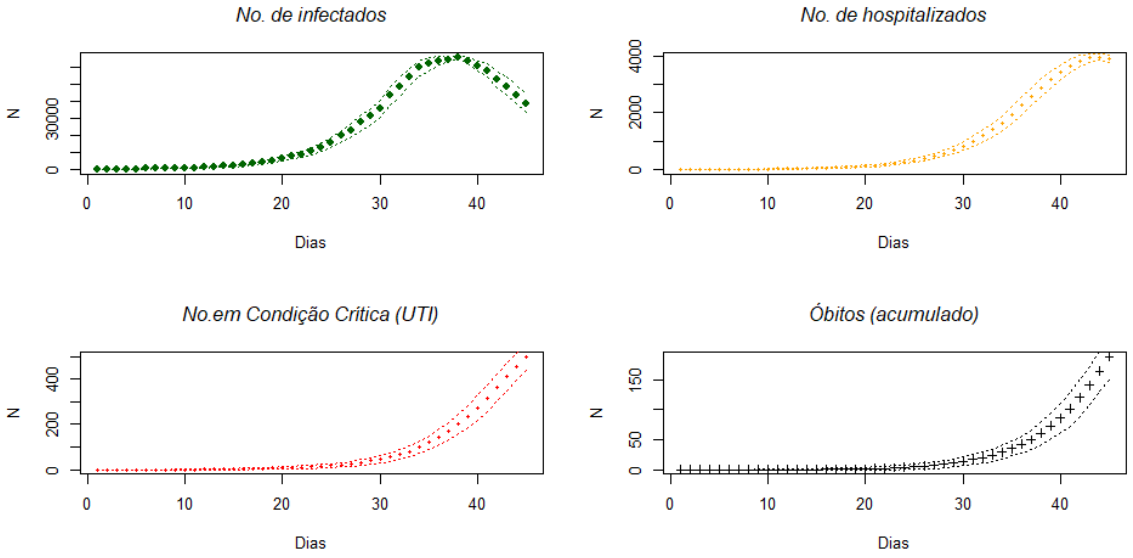


Fig. 4.1. Exemplo de resultados do SIR-IBM COVID-GO II, escrito para a plataforma R e que serviu de base para as primeiras tomadas de decisão sobre estratégias para conter a pandemia da COVID-19 em Goiás, incluindo a variação no número de casos, número de hospitalizações (leitos clínicos) e UTIs necessárias, e óbitos (no sentido horário), para os primeiros meses da pandemia.

Em seguida, o grupo se expandiu pela incorporação do Prof. Thiago Rangel, que expandiu o modelo IBM-SIR original a fim de incorporar a estrutura etária da população e realizar as análises em um contexto meta-populacional e espacialmente explícito, para os diferentes municípios do Estado de Goiás. A implementação e aplicação desse modelo bem mais complexo (Fig. 4.2) só foi possível graças à cluster do EECBio. A partir de maio o grupo começou a publicar notas técnicas no website www.covid.bio.br, inicialmente fazendo projeções da expansão no espaço e no tempo para o Estado de Goiás e para alguns casos específicos, solicitados pela secretaria estadual de saúde (e.g., para municípios turísticos). Em um segundo momento, a partir do momento em que os dados locais e regionais sobre a pandemia começavam a se acumular, os modelos tipo SIR de longo prazo foram substituídos por análises estatísticas e modelos empíricos de curto prazo (embora o SIR tenha sido utilizado ainda para projetar o impacto da 2ª. onda, na última NT). Até dezembro de 2020, o grupo já havia publicado 10 notas técnicas (NTs) e duas atualizações. O bolsista DTI do EECBio Lucas Jardim, bem como outros alunos de pós-graduação do PPG em Ecologia e Evolução, auxiliaram na confecção e análise de algumas dessas NTs (Fig. 4.3).

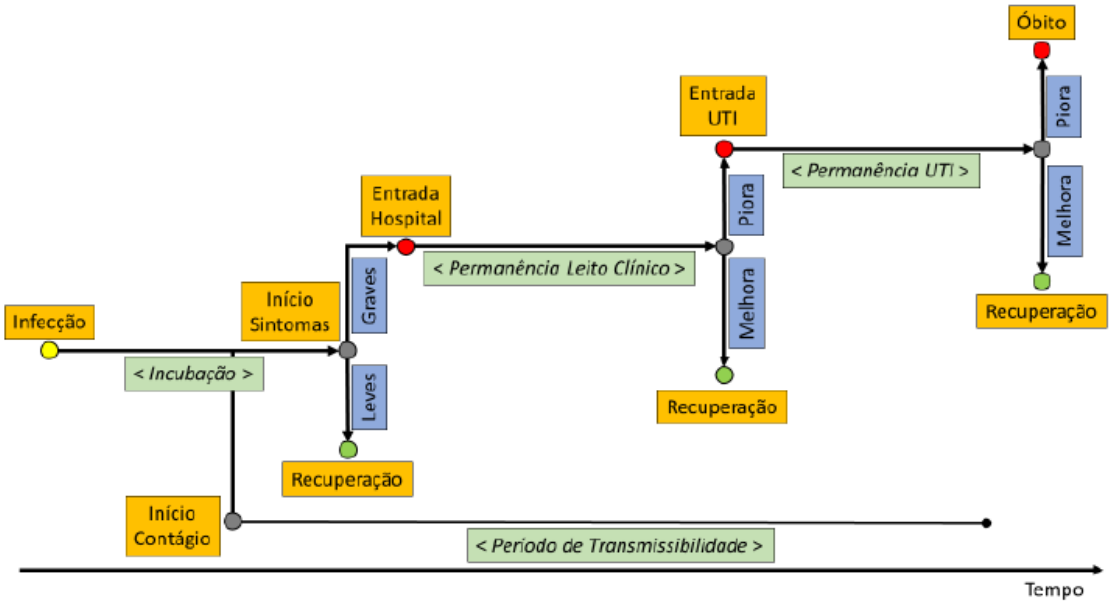


Fig. 4.2. Esquema ilustrando os principais parâmetros utilizados no SIR/IBM COVID-GO II e III, em termos dos eventos desde a infecção dos indivíduos na população até os eventos finais de recuperação ou óbito. Cada etapa foi parametrizada pela literatura internacional e por dados locais, à medida que informações mais específicas sobre hospitalização e óbitos eram repassadas pelas autoridades de saúde do Estado.

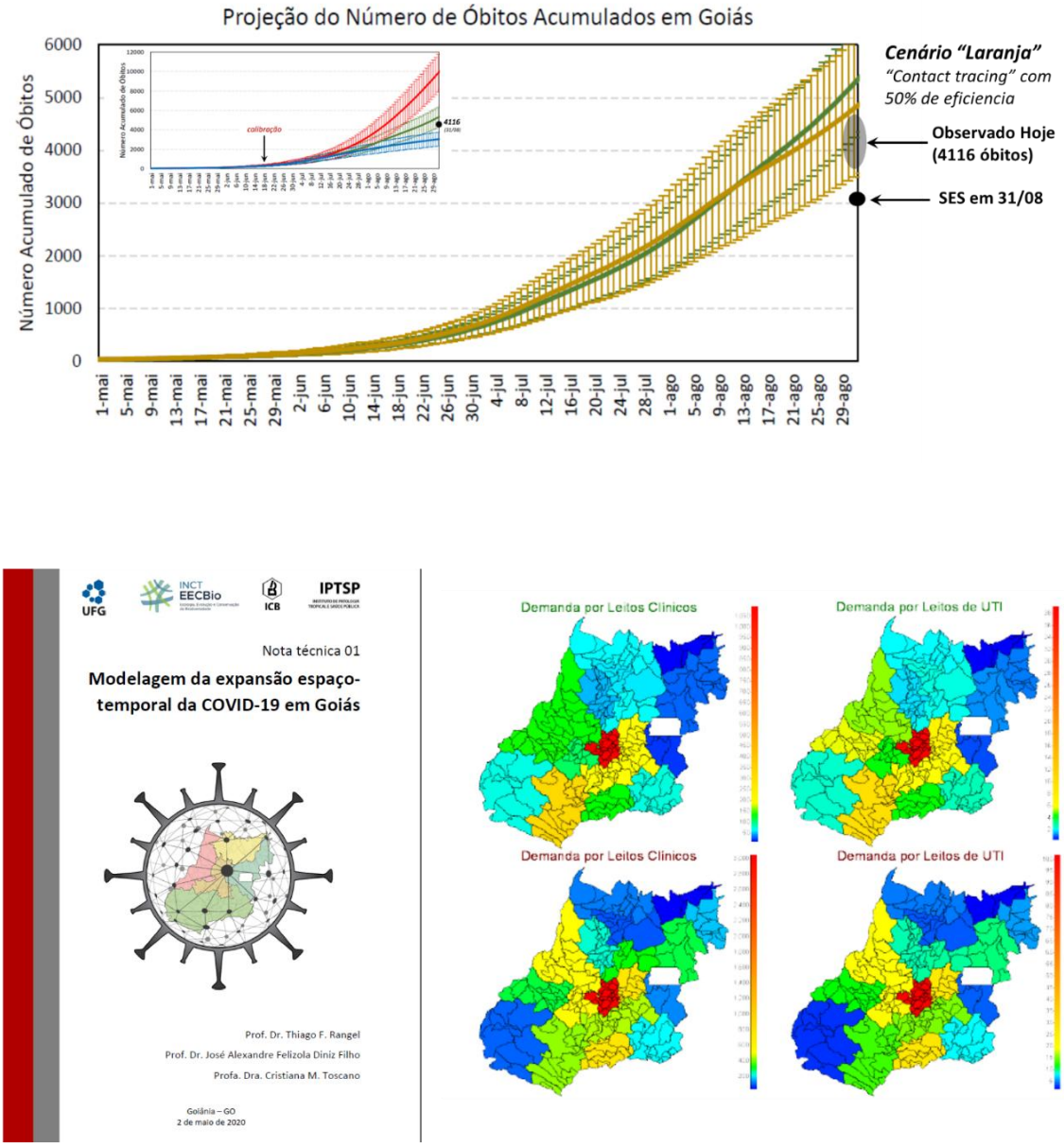


Fig. 4.3. Exemplo de resultados do SIR-IBM COVID-GO III, rodado na cluster do EECBio, mostrando a trajetória esperada para o número acumulado de óbitos até agosto de 2020 sob um cenário de controle parcial da pandemia por medidas de isolamento social e rastreamento de contatos, bem como o dado empírico final (observado hoje), embora à época, em 31/08/2021, as estimativas estivessem abaixo do intervalo de confiança inferior. Abaixo, ilustração dos resultados esperados para as regiões de saúde do Estado, em termos de demandas por leitos clínicos e UTIs.

De modo geral, essas notas técnicas foram previamente apresentadas ao Comitê de Operações Emergenciais (COE) do Estado e dos municípios envolvidos, auxiliando os gestores nas discussões e em sua tomada de decisão. Em alguns casos (i.e., modelo SIR original, NT01 e NT03), os dados foram apresentados diretamente pelo grupo ao Governador do Estado, Ronaldo Caiado, e alguns secretários de Estado. Ao

mesmo tempo, ao longo de 2020 e em particular após a publicação dessas notas técnicas, houve uma grande repercussão na mídia, com os membros do grupo dando muitas entrevistas para TVs, rádios e jornais, alcançando assim grande visibilidade, bem como a apresentação de muitos seminários, mesas-redondas, palestras, “lives” e workshops. Os registros da UFG (disponíveis em https://ufg.br/p/32450-ufg-na-midia), mostram dezenas de inserções nas diferentes mídias.

Principalmente a partir de 2021, houve, além do apoio à tomada de decisão nos níveis estaduais e municipais, algo como “transferência de tecnologia” em termos de *scripts* computacionais em *R* que foram repassados e discutidos em workshops com o corpo técnico dessas secretarias (SES de Goiás e SMS de Goiânia). Com base nisso, o número reprodutivo efetivo, *Re*, estimado a partir de correções estatísticas do número de casos pelo padrão de notificação (*nowcasting)*, passou a compor o painel de indicadores que geram o mapa de risco do Estado (ver http://covid19.saude.go.gov.br/). O grupo também atuou fortemente em cooperação com os técnicos da secretaria municipal de saúde de Goiânia, auxiliando nas campanhas de testagem em massa com análises espaciais e estimativas de *Re* para diferentes regiões da cidade, em cooperação com o grupo do Laboratório de Geoprocessamento da UFG (LAPIG), coordenado pelos Profs. Manuel Ferreira e Laerte Ferreira, que desenvolveram um portal para apresentar os dados primários.

Em escala nacional, o grupo recebeu apoio do CNPq, em um projeto coordenado pela Profa. Cristiana Toscano e aprovado no edital emergencial desta agência, para desenvolver modelos e análises de dados em diferentes Estados do Brasil (DF, São Paulo e UFRGS) e apoiar as políticas públicas em cada um deles, e envolvendo pesquisadores de diferentes instituições brasileiras. Os artigos desse projeto começam a ser publicados em 2022 (Borges et al. 2022; Muller et al. 2023).

4.1.2. Genética e Genômica

Em um segundo momento, a partir de 2020, o outro “facility” do EECBio, o Laboratório em Genética & Biodiversidade (LGBio), coordenado pela Dra. Mariana Telles, do GT de “Genética e Genômica Evolutiva”, passou a realizar as análises genômicas a fim de detectar as novas variantes do SARS-COV-2 no Estado, utilizando a infraestrutura física e envolvendo os diversos bolsistas e alunos associados ao EECBio nessa atividade (com apoio de um projeto emergencial aprovado na FAPEG apenas para aquisição de reagentes e outros itens de custeio) (Fig 4.4). Os dados obtidos com o projeto trouxeram um panorama relevante quanto à dinâmica da epidemia

do vírus SARS-CoV-2 no estado de Goiás e em Goiânia, contribuindo com informações não só na escala regional, mas nacional.



Fig. 4.4. Profa. Mariana Telles do LGBio/UFG e Ramilla dos Santos (bolsista DTI-A EECBio), realizando sequenciamento do SARs-COV2 para apoiar as tomadas de decisão junto à SES de Goiás e SMS de Goiânia.

As etapas metodológicas e laboratoriais foram com um conjunto de 17 amostras, cedidas em parcerias com laboratórios privados para a otimização das etapas desde a extração de RNA ao preparo da biblioteca genômica e sequenciamento por NGS na plataforma MiSeq. Assim, a execução do projeto permitiu realizar 10 rodadas de sequenciamento, totalizando 414 amostras de SARS-CoV-2 sequenciadas. Desta amostragem, 194 amostras são provenientes de Goiânia e 220 dos municípios de Goiás, que foram obtidas em parceria com as secretarias de saúde do estado e do município de Goiânia, por meio do LACEN-GO e dos laboratórios conveniados da Prefeitura de Goiânia, respectivamente. Além da capital Goiânia, foram avaliadas amostras de 82 municípios goianos, abrangendo grande parte do Estado.

Com as sequências genômicas obtidas (disponibilizadas no GISAID - *Global Initiative on Sharing All Influenza Data*, ver https://www.gisaid.org/) foi possível identificar, utilizando o banco de dados PANGOLIN, 16 linhagens virais e pelo

Nextclade, quatro variantes, que englobam tanto variantes de preocupação e de interesse epidemiológico circulantes no estado de Goiás (Fig. 4.5), realizadas pelo Dr. Rhewter Nunes, ex-bolsista DTI-A do EECBio e atualmente docente concursado na UEG, junto com outros docentes do Depto. de Genética. Segundo os dados do Nextclade, dentre as variantes circulantes, foi identificado que a variante Gamma é predominante no estado de Goiás, atribuída a 336 amostras (81,6%), seguida pela 20B com 61 amostras (14,7%), Delta com nove amostras (2,2%) e Alpha com oito amostras (1,9%). Todas as variantes são de grande preocupação epidemiológica, devido sua alta transmissibilidade em todo o mundo. A variante Delta, altamente preocupante em todo mundo, foi identificada em Goiânia pela primeira vez em amostra coletada no final de abril de 2021. Os tipos de mutações encontradas nas amostras sequenciadas envolvem substituições e deleções nucleotídicas e são informações importantes para alertar sobre a transmissibilidade e gravidade dos casos em relação à cada linhagem. Vale ressaltar, que a análise temporal envolve amostras coletadas nos meses de nov/2020 (1 amostra), dez/2020 (23 amostras), jan-ago/2021 (390 amostras), abrangendo os picos mais altos da pandemia no estado de Goiás. As amostras continuaram a ser analisadas até o início de 2023, tendo sido a execução financeira do projeto encerrada na FAPEG em julho.

Dessa forma, a execução deste projeto permitiu investigar a evolução do SARS-CoV-2 no estado de Goiás, relacionando as principais variantes circulantes com os picos de transmissibilidade. Além disso, o conhecimento destas variantes foi útil para o planejamento de retomada, manutenção e controle de medidas preventivas e de distanciamento. Adicionalmente, a descrição das variantes auxilia diretamente às secretarias de saúde na determinação de planos de controle e vacinação, denotando a necessidade de uma vigilância, intensificação das medidas de distanciamento social e uso de máscaras.

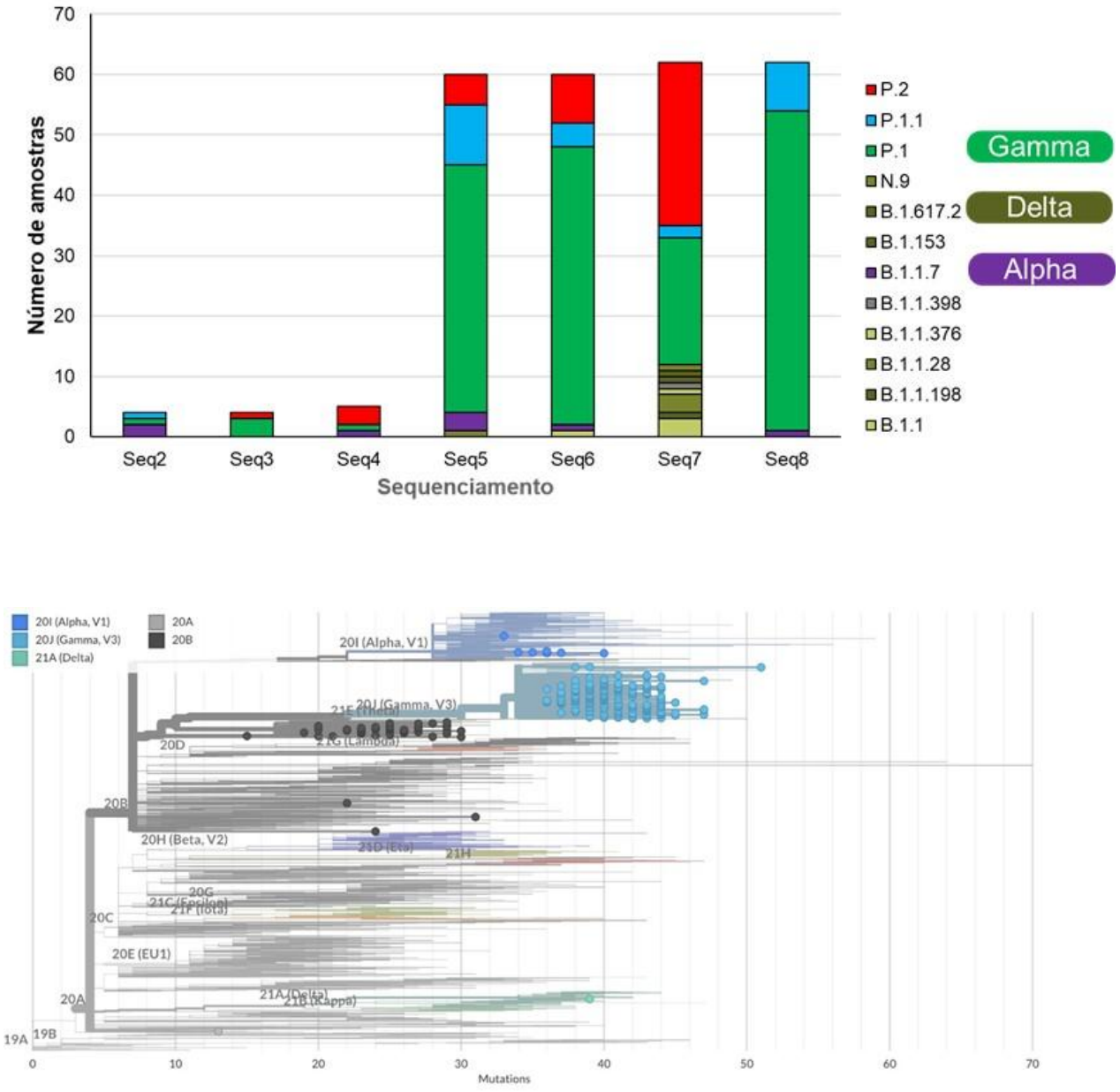


Fig. 4.5. Classificação das amostras de SARs-COV2 de Goiàs em suas variantes, ao longo do tempo (acima), e sua alocação na filogenia geral, com base em dados do GISAD.

Um artigo de divulgação sobre o tema, intitulado “Evolução em ação: lições de uma pandemia”, liderado pelo bolsista DTI do EECBio, Rhewter Nunes, publicado na “Genética na Escola” em 2021, revista de ensino e divulgação científica da Sociedade Brasileira de Genética, mostrando para os professores de ensino fundamental e médio como é possível usar os eventos durante a pandemia para ensinar evolução a partir de um caso mais concreto da pandemia (Nunes et al. 2021).

4.1.3. Pandemia e Ambiente

Em um contexto mais amplo, a comunidade científica já vinha alertando há anos sobre o aumento da emergência de epidemias de origem zoonótica. Portanto, a pandemia da COVID-19 pode ser considerada uma “tragédia anunciada”. A pandemia sensibilizou os tomadores de decisão sobre o assunto, mas a resposta tem focado fortemente na preparação para futuras pandemias e muito pouco na sua prevenção. O EECBio vem, portanto, atuando na produção e divulgação de conhecimento sobre a prevenção de pandemias a partir de ação ambiental. Sabemos que a degradação ambiental, incluindo o desmatamento e o tráfico de animais silvestres, aumenta o contato entre as pessoas e animais silvestres possivelmente portadores de vírus, estando associado ao aumento da emergência de doenças com potencial pandêmico. O EECBio participou da publicação de um importante artigo na revista *Science* que quantificou o custo da prevenção de pandemias em escala global através de ações ambientais, que incluem o controle do desmatamento e tráfico de animais (Dobson et al. 2020). As ações são tecnicamente simples e seu custo é irrisório no contexto da economia global e, sobretudo, se comparado aos custos da Covid-19 e outras pandemias de origem zoonóticas como HIV/Aids, por exemplo. O ECCBio também participou de um *white paper* que faz essa avaliação no contexto da Amazônia (Vale et al. 2021), apresentado ao Banco Interamericano de Desenvolvimento, e de uma publicação que explora o papel das áreas protegidas na prevenção e pandemias (Ferreira e tal. 2021). Essas ações levaram o EECBio a ser convidado a participar do “Preveting Pandemics at the Source”, uma coalisão internacional de cientistas e gestores da área de saúde e meio ambiente com o objetivo de sensibilizar tomadores de decisão sobre a importância e benefícios socioeconômicos da prevenção de pandemias através de ação ambiental. A Dra. Mariana Vale ministrou uma das palestras nos eventos de 2020 e pode ser visualizada no canal do YouTube do EECBio (em https://www.youtube.com/watch?v=LQc6XnBFE4Q&t=3877s).

Em um contexto similar, em termos de interface entre pandemias e questões ambientais, outros trabalhos estão sendo desenvolvidos, inclusive um deles liderado pelo Drs. Fernando Resende, ex-bolsista DTI do EECBio, com a participação de Leila Meyer, também ex-bolsistas DTI do EECBio, ligado ao laboratório do Dr. Rafael Loyola. Os Drs. José Alexandre F. Diniz-Filho, Rafael Loyola, Geraldo W. Fernandes, Mariana Vale e Carlos Eduardo V Grelle, do EECBio, passaram também a desenvolver, ao longo de 2020-2021, outros trabalhos em parceria com o grupo de pesquisa do Dr. Sérvio P. Ribeiro da UFOP, que trabalha na interface entre saúde e ecologia, em diferentes questões envolvendo a COVID-19 (Pontes et al. 2022a,b).

Assim, o envolvimento de diversos pesquisadores do EECBio, em vários trabalhos durante a pandemia da COVID-19, mostra a capacidade da equipe de subsidiar políticas públicas, principalmente em função do perfil dos pesquisadores em termos de análise genética/genômica, modelagem computacional e análise de dados. Mesmo considerando que esses pesquisadores, na sua rotina, trabalhem em uma área mais básica e mais ampla de biodiversidade, a elevada capacidade técnica e cientifica permitiu que eles fossem capazes de responder rapidamente às demandas durante a pandemia e apoiar as tomadas de decisão dos órgãos públicos. Essas ações mostram claramente a importância de investimentos em ciência e na formação de recursos humanos em todas as áreas (incluindo em áreas básicas) a fim de responder às demandas da sociedade.

4.2. GITHUB

Entre as metas estabelecidas pelo EECBio está a criação de repositório de *scripts* e pacotes computacionais para a análise e avaliação da biodiversidade. Definiu-se, a partir de 2020, construir um repositório de códigos computacionais na plataforma GitHub (https://github.com/INCT-EECBio), a qual permite a disponibilização dos códigos, o trabalho colaborativo, a implementação de testes e o controle das versões dos códigos disponibilizados. Dentro do GitHub foi criada uma organização com subdivisões que representam cada um dos 8 GTs do EECBio. Cada colaborador do EECBio será ligado ao seu respectivo GTs e poderá gerir seus repositórios na plataforma (Fig. 4.6).

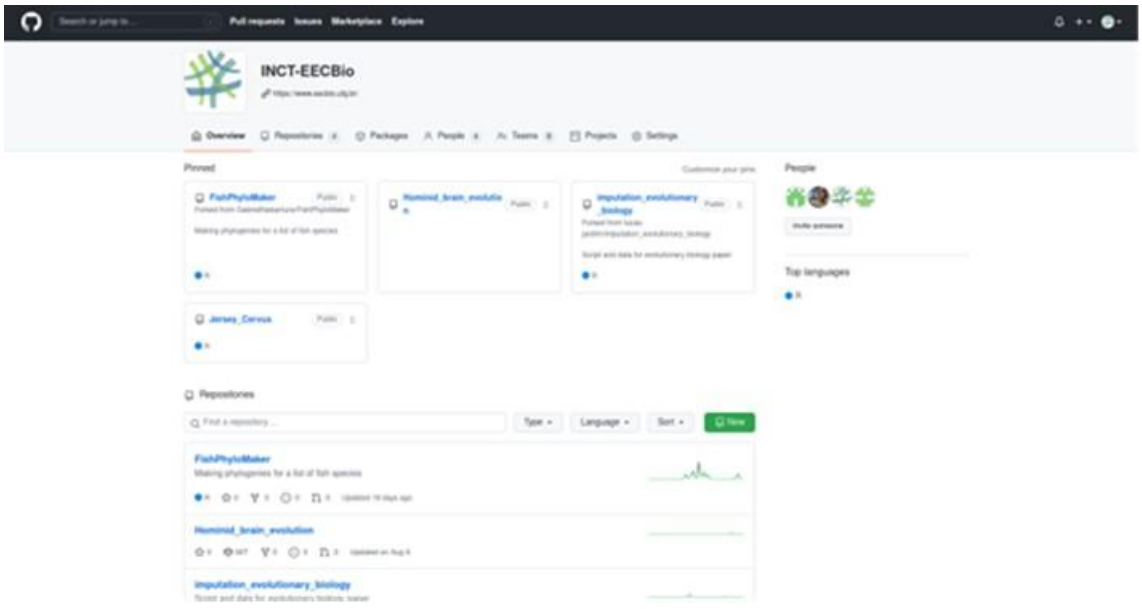


Fig. 4.6. Apresentação do EECBio na plataforma GitHub. A apresentação dos repositórios já disponíveis e os colaboradores já adicionados. Cada um dos repositórios está relacionado aos GTs do EECBio.

Há três possibilidades de inclusão de repositórios na organização EECBio no GitHub: (1) pela criação de um repositório novo pelo colaborador; (2) pela cópia de um repositório já existente na conta do colaborador (*fork*), ou; (3) a transferência de repositório já existente na conta do colaborador para a conta do EECBio. Todas as possibilidades tornam o acesso aos repositórios ligados ao EECBio centralizados e disponíveis ao público geral. Para exemplificar, na Fig. 4.6 está apresentada a organização EECBio com os repositórios e colaboradores adicionados. Os repositórios *FishPhyloMaker* e *imputation_evolutionary_biology* foram copiados de colaboradores do EECBio (*forked)*, permitindo a sua disponibilização mesmo com a ausência da administração do repositório pela organização. Por outro lado, os repositórios *Hominid_brain_evolution* e *Jersey_Cervus* são repositórios criados por colaboradores dentro da organização do INCT-EECBio e são, portanto, administrados pela organização.

Cada repositórios está ligado ao GT do EECBio (Fig. 4.7) que o projeto compõe e onde os códigos são depositados. Isso permite uma hierarquização e gestão do repositório que facilita a navegação e busca por códigos pelos usuários e a gestão e limitação de acessos e colaborações para os membros de cada GT.

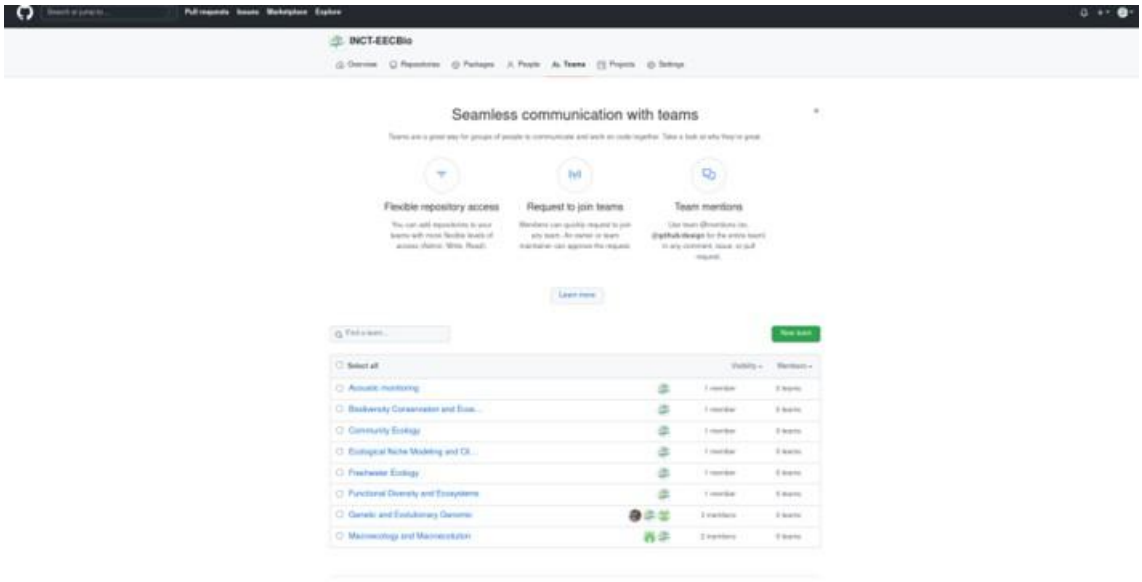


Fig. 4.7. Organização do EECBio no GitHub com subdivisões por GT, cada um deles podendo ser gerido independentemente quando aos participantes e repositórios pertencentes a eles.

Os repositórios presentes em cada GT possuem todo o conteúdo do projeto desenvolvido, garantindo a sua reprodutividade (Fig. 4.8). Os repositórios possuem *layouts* de diretórios que separam as pastas por conteúdos (ex. dados, códigos, figuras), facilitando o acesso e interpretação por novos usuários. Há também uma breve apresentação do repositório, uma descrição da sua estrutura, um glossário dos arquivos e uma apresentação do financiamento. Garantindo assim uma fácil compreensão dos usuários sobre o conteúdo que está sendo acessado e utilizado.

Desta forma, os repositórios do INCT-EECBio garantirão maior transparência nos produtos computacionais produzidos pelo INCT-EECBio, servindo como fonte de consulta, estudo e colaboração. Uma próxima etapa no desenvolvimento dos repositórios é a expansão do conteúdo para compreender mais projetos e a disponibilização de conteúdos didáticos para a difusão de conhecimento técnico-científico para o público em geral. No novo ciclo do EECBio daremos mais ênfase ao GitHub como ferramenta de compartilhamento de informações, propiciando uma maior visibilidade e transparência aos resultados do projeto.

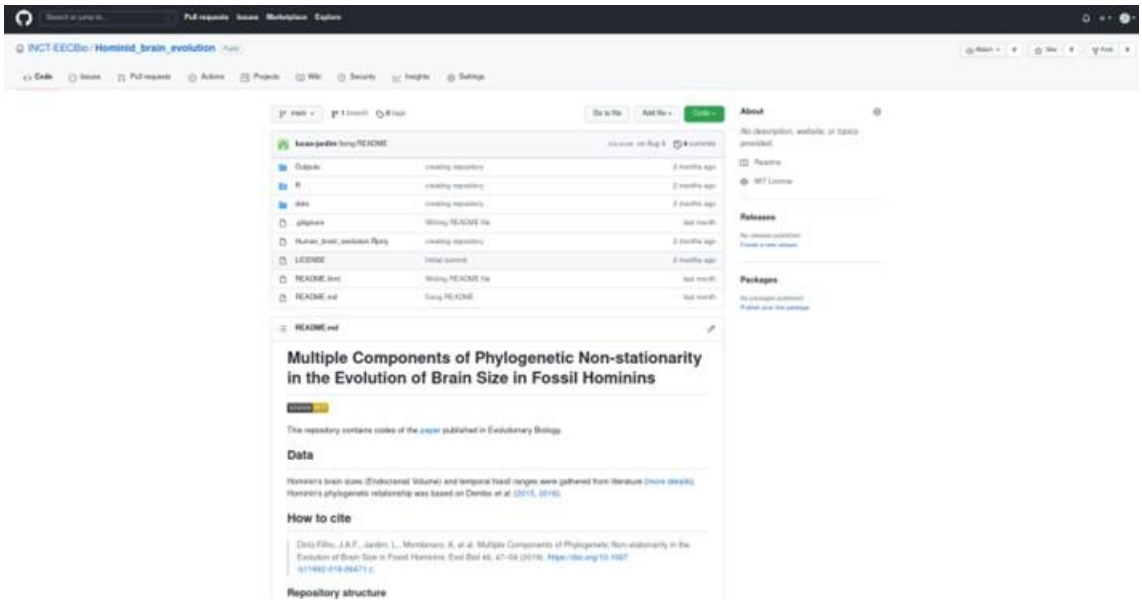


Fig. 4.8. Exemplo de um repositório de um artigo científico publicado pelo GT de Macroecologia e Macroevolução. Há a disponibilização de todos os arquivos do projeto, uma descrição do repositório, a apresentação da sua estrutura, um glossário de arquivos e apresentação de financiamento.

4.3. Extensão

Logo no início das suas atividades, durante a semana de Ciência & Tecnologia 2018 (15/10), o EECBio promoveu a mesa redonda intitulada *"Diminuição das desigualdades regionais da pesquisa em Biodiversidade no Brasil*", no Auditorio do ICB1 da UFG. O evento foi coordenado pelos Profs. Thannya N Soares, José Alexandre e Adriano Melo, com a participação dos Profs. Levi Carina Terribile (UFJ), João Nabout (UEG), Leandro Juen (UFPA), Ludgero Vieira (UnB), Sidney Gouveia (UFS) e Victor L. Landeiro (UFMT), da equipe do EECBio (Fig. 4.9). O objetivo da mesa redonda foi trazer os depoimentos de jovens pesquisadores do EECBio, de diferentes regiões do Brasil, que tiveram experiências bem-sucedidas na montagem e coordenação de programas de pós-graduação, com alto impacto em termos de desenvolvimento regional.



Fig. 4.9. Mesa redonda intitulada "Diminuição das desigualdades regionais da pesquisa em Biodiversidade no Brasil", no Auditório do ICB1 da UFG.

Além da mesa redonda, foram oferecidos os mini-cursos de "Bancos de dados biológicos para aplicações em estudos ecológicos e genéticos", ministrado pelos bolsistas DTI do EECBio Lucas Jardim e Rhewter Nunes, e "IGNITE: iniciação à divulgação científica", ministrado por Profa. Gracielle Higino (PPG EcoEvol - UFG).

O EECBio também apoiou a realização do 2º. “Pint of Science” em Goiânia. Em 2017, o Prof. Adriano Melo organizou o 1º. evento em Goiânia (http://posbrazil.wixsite.com/posbrazil). Neste evento o Prof. Matheus Ribeiro organizou o debate intitulado "Entre Dinossauros e Mamutes: uma conversa com a Ciência do passado". Já os Profs. José Alexandre Diniz Filho e Rafael Loyola organizaram o debate intitulado "Nosso lugar na natureza: de onde viemos e para onde vamos". Além disso, diversos docentes e alunos do programa ajudaram a organizar e se envolveram diretamente com o Dia C da Ciência (https://www.diacdaciencia.org/). Em 2018, o “Pinto of Science” foi organizado pela Prof. Mariana Telles, sendo o Prof. José Alexandre um dos coorganizadores. Novamente participaram como palestrantes os docentes Rafael Loyola e José Alexandre.

A página do ECBio na UFG (www.eecbio.ufg.br) tem sido utilizada com regularidade a fim de comunicar eventos e outras informações mais gerais do projeto, com destaque para as “oficinas”, além de apresentar chamadas e resultados das bolsas DTI de vários GTs. Em 2024, foi iniciada a preparação de uma nova webpage no sistema Wix, a fim de dar mais visibilidade ao EECBio, algo que será expandido no ciclo II (2025-2029). O *facebook*, por outro lado, é utilizado para uma comunicação mais rápida sobre os eventos do EECBio e para compartilhar informações relevantes na área de biodiversidade, mas essa plataforma perdeu bastante o seu uso e foi em geral substituída principalmente pelo instagram, a partir de 2021-2022. A partir dessa época o Instagram do EECBio (@incteecbio) foi reorganizado, de forma mais padronizada e profissional, com o trabalho de um bolsista DTI-C com formação técnica de área de comunicação e “design” gráfico, fornecendo ao final do projeto um registro contínuo e de alto nível das atividades desenvolvidas. De qualquer modo, todas essas mídias se integram por meio do linktr.ee, que está na bio do instagram. Nessa nova proposta do instagram, o objetivo foi divulgar os eixos temáticos do projeto, eventos, os GTs e oficinas de trabalho associados, bem como alguns artigos publicados pela equipe, com mais de 70 carrosséis que traduziram esses conteúdos científicos em uma linguagem mais dinâmica e visualmente atraente (Fig. 4.9). O perfil tem atualmente (i.e., abril de 2025) um total de 1364 seguidores, com um total de 89 postagens. Entre fevereiro e março de 2025 (últimos 90 dias de atividade cujos registros ficam disponíveis), foram registradas 114.473 visualizações, 1.158 visitas ao perfil, 3.752 interações e 1.365 seguidores totais, refletindo o impacto positivo da estratégia de comunicação implementada. Esse engajamento se deveu também à disponibilização de 15 vídeos curtos, mostrando os resultados gerais do EECBio (“EECBio em números”) e, mais importante, uma série de vídeos de “impacto”, no qual ex-bolsistas e pesquisadores

falam da importância do projeto para sua carreira e para a consolidação dos grupos de pesquisa. Esses vídeos tiveram uma média de 2140 visualização, além das > 16.500 visualizações do “”EECBio em números”.

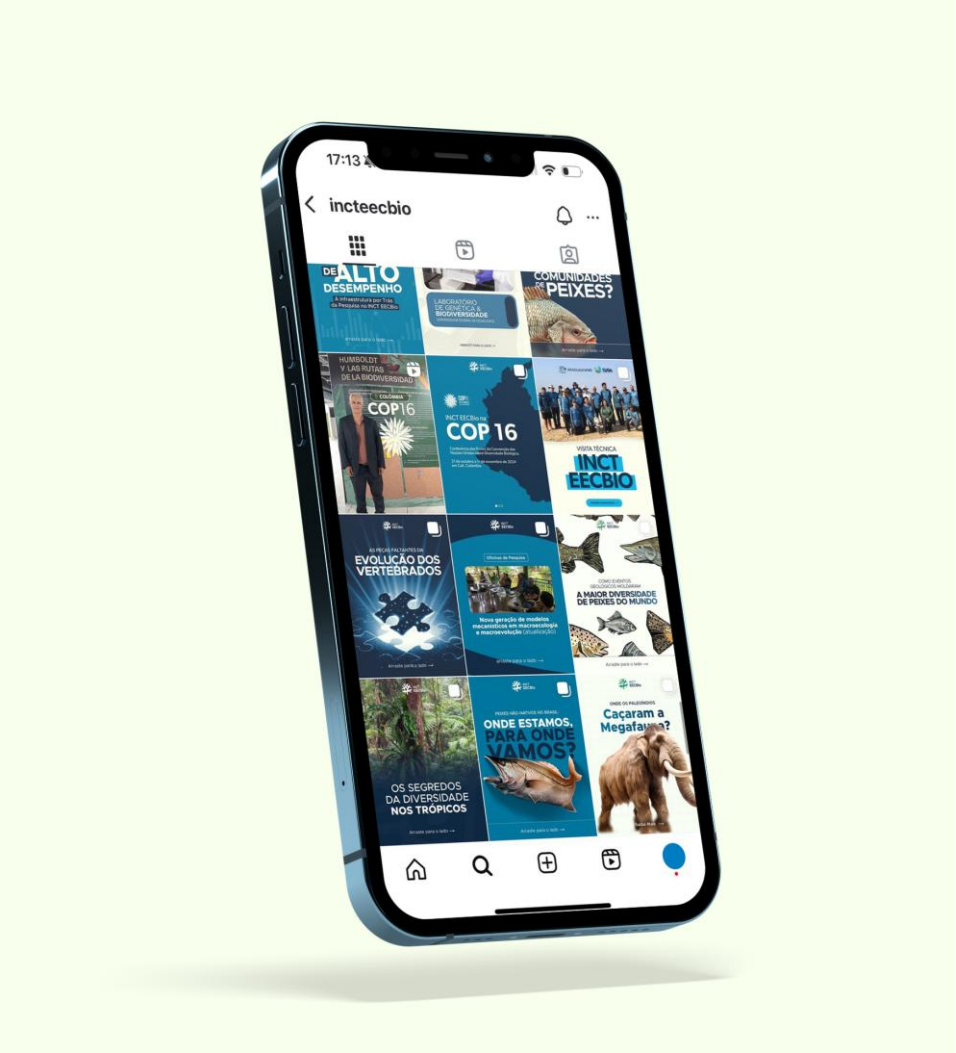


Fig. 4.9. Instagram do EECBio (@incteecbio)

A partir de 2020 não foram realizados muitos eventos em função da pandemia, mas cada um dos GTs realizou diversas reuniões remotas a fim de dar continuidade às atividades possíveis, conforme descrito na seção 3. Em termos mais amplos, o EECBio promoveu um ciclo de palestras ao longo de 2020 que podem ser acessados no canal do Youtube do EECBio (Fig. 4.10).

.



Fig. 4.10. Canal do Youtube do EECBio ((https://www.youtube.com/c/INCTEECBio/videos)

Além disso, os membros da equipe do EECBio participaram de inúmeras *lives* e eventos online, como se tornou padrão a partir do início da pandemia.

Em um contexto de divulgação científica, vale destacar a publicação, especialmente pela equipe do GT de Genética & Genômica Molecular, de diversos artigos na “Genética na Escola”, da Sociedade Brasileira de Genética (ver seções 4.1. e 7), com destaque para um artigo recente mostrando como os professores podem usar exemplos da pandemia para ensinar evolução (abaixo). Os principais artigos de divulgação publicados no contexto do EECBio foram:

GUEDES, J. J. M., DINIZ-FILHO, J. A. F. & MOURA, M. R. Conhecendo a árvore da vida. Ciência Hoje 405, 01 nov. 2024.

GUEDES, J. J. M.; MOURA, M. R. & DINIZ-FILHO, J. A. F. Lacunas da biodiversidade. Ciência Hoje 404, 37 - 42, 08 dez. 2023.

NEVES, W. & DINIZ-FILHO, J. A. F. O Hobbit da Ilha de Flores: implicações para a evolução humana. Ciência & Cultura 70, 56-59, 2018.

Silva-Filha, C. M R. S., Ricarod, A. O., BRAGA, R. S., TELLES, M. P. C. & DINIZ-FILHO, J. A F. Correlação entre diversidade genética e diversidade de espécies (SGDC): uma abordagem de genética de comunidades. Genética na Escola (on line), 17, 1-9, 2022.

TARGUETA, C. P., ALBERNAZ, V. B., BRAGA-FERREIRA, R. S., LOURENCO, L. B., BRITO, P. & TELLES, M. P. C. Montagem de Cariótipos: estratégia de aprendizagem remota e interativa. Genética na Escola (on line) 16, 218-227, 2021.

DIONIZIO, S. R. D., LIMA, V. F. M., MELO, A. A., CARVALHO, L. R., BRAGA, R. S., SILVA, L. C. F. , LARA, M. P. & TELLES, M. P. C. Desvendando a paternidade múltipla em ninhos de tartarugas. Genética na Escola (on line), 16, p. 240-257, 2021.

NUNES, R., TELLES, M. P. C. & DINIZ-FILHO, J. A. F. Evolução em ação: lições de uma pandemia. Genética na Escola (on line), 16, 368, 2021.

NUNES, R., RIBEIRO, S. B., DE-BEM, I. O., SOUZA, I. P., TELLES, M. P. C. & SIQUEIRA, A. G. C. O gene qSH1 e a domesticação do arroz. Genética na Escola 12, 104-111, 2017.



Além disso, é importante destacar que os diversos pesquisadores, especialmente os PIs dos GTs, têm colocado sua afiliação ao EECBio e apresentado a marca do projeto em diversas palestras, mesas redondas em eventos, cursos e outras reuniões cientificas em todo o Brasil.

4.4. “Facilities”

4.4.1. Cluster de Computadores (Laboratório de Ecologia Teórica & Síntese - LETS)

Na proposta original do EECBio foram propostos dois “centros” de apoio geral, que poderiam ser definidos como “facilities” a serem utilizadas por diversos GTs ou pesquisadores individuais do GT e laboratórios associados.

Uma das facilities do EECBio é a cluster de computadores do Laboratório de Ecologia Teórica & Síntese (LETS) do Departamento de Ecologia da UFG. Essa cluster tem atendido demandas de processamento de alto desempenho de computação científica de pesquisadores de diversas instituições vinculadas ao INCT. Dentre essas instituições, além da UFG, a cluster tem processado análises de pesquisadores das seguintes universidades: UFS, UFSM, UFRJ, UEG e UFRGS. Essas análises têm sido processadas por diferentes serviços disponibilizados pela cluster como o portal para desenvolvimento de scripts em linguagem R usando RStudio (disponível em: cluster.eco.br), o acesso do ambiente LINUX via protocolos SSH e sFTP (para uso de programas específicos desenvolvidos para sistemas Linux) e o acesso ao ambiente “Windows via Remote Desktop Connection” (para uso de programas específicos desenvolvidos para sistemas Windows). A manutenção da cluster foi realizada por diversos bolsistas DTI-B do EECBio.

Em 2018, houve uma expansão dos recursos computacionais da cluster do LETS. Foi implementado um sistema de “containers”, que funcionam como máquinas virtuais mais leves. Esse tipo de sistema permite uma rápida reprodução e implantação dos softwares atualmente utilizados pelos usuários, além de facilitar a incorporação de novas máquinas ao sistema. Em 2019, também foram incluídos nos recursos computacionais da cluster um servidor de arquivos NAS que conta com oito discos rígidos de 10 Tb cada. A cluster atualmente atende a um total de 150 usuários por um período integral (sete vezes por semana e 24 horas por dia), com apoio técnico de bolsistas do EECBio em período diurno.

Em 2024 a cluster passou por uma expansão com a instalação de um novo servidor para computação de alta performance. Este servidor conta com 256 cores de CPU, 24 TB de memória RAM, e uma placa NVIDIA L40 para processamento paralelo em 26 mil cores de GPU. Em 2025, antes da finalização do ciclo I do EECBio, todos os servidores antigos passaram por um upgrade de memória RAM. Assim, todos os

servidores que já existiam na cluster possuem hoje entre 128 e 256 GB de memória RAM, que o máximo que eles comportam. Além disso, foi adquirido um HD externo de 20 TB para backup offline automático, como forma de prevenção de ataques ransomware. Por fim, foi também adquirido um novo roteador com capacidade gigabit e firewall moderno, para acelerar a transferência de dados entre os diferentes servidores e deles para o NAS.

Além da cluster do LETS, em 2020, foi instalado um servidor de alta capacidade de processamento sob responsabilidade do Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio; a seguir) do Departamento de Genética da UFG. Esse servidor tem atendido demandas de pesquisa de diversos pesquisadores do EECBio, mas principalmente aos vinculados ao Grupo de Trabalho de Genética e Genômica Evolutiva, em análises de bioinformática. O servidor em questão possui 144 cores de processamento, memória RAM de 1,48 Tb e oito discos rígidos de 1,8 Tb cada. Atualmente, esse servidor atende demandas de pesquisa de 41 pesquisadores.

4.4.2. Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio)

O segundo “facility” é o Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio), que apoia os demais GTs em termos de análises moleculares. O LGBio dispõe de uma boa estrutura física e de equipamentos que permitem realizar diversas metodologias e utilizar diferentes ferramentas da área de Genética e Biologia Molecular que podem ser utilizadas nos diferentes GTs do EECBio. De fato, desde 2018 a estrutura do LGBio proporcionou parcerias produtivas em experimentos de sequenciamento de DNA e genotipagem com outras instituições como PUC Goiás, UFRGS, UNIFESP, UNAERP, JBRJ, além de outros departamentos da UFG, no contexto do EECBio.

Um aspecto importante é que essas atividades só são possíveis porque o INCT disponibiliza para o LGBio um bolsista DTI-A e um bolsista DTI-C que estão dedicados no suporte e colaboração com as seguintes atividades: a) Gerenciamento de estoque e compras de insumos e material para as práticas moleculares; b) Preparo de soluções para uso em experimentos moleculares; c) Coordenação do centro de genotipagem e sequenciamento clássico e de alto rendimento; d) Otimização dos protocolos de preparo de biblioteca genômica para uso em plataformas de sequenciamento Illumina (Miseq e NextSeq) e em plataforma de sequenciamento Oxford Nanopore (MinION e PromethION); e) Condução dos experimentos para a prestação de serviços moleculares para multiusuários da plataforma de sequenciamento Sanger ABI 3500, Illumina e

Oxford Nanopore; f) Monitoramento e manutenção de equipamentos gerais do LGBio; e g) capacitação de novos usuários dos equipamentos. Com isso, dentro da estrutura em funcionamento é possível utilizar diferentes estratégias e metodologias para a extração de ácidos nucléicos e os principais equipamentos disponíveis estão listados a seguir: macerador automático, cubas de eletroforese horizontal e vertical, Termocicladores convencionais, PCR Quantitativo (em tempo Real), sistema de eletroforese em chip (Bioanalyzer, Agilent), Analisador genético de fragmentos de DNA (Fragment Analyzer, Agilent), Analisador genético de DNA ABI3500 Applied Biosystems (eletroforese capilar) para genotipagem de fragmentos (por exemplo marcadores microssatélites) e sequenciamento clássico (Sanger). Além disso, o laboratório conta com a plataforma MiSeq (Illumina) que é um equipamento de sequenciamento de DNA de segunda geração (next generation sequencing) com geração de leituras pequenas, com MinION M1KC (Oxford Nanopore) e PromethION P2 Solo (Oxford Nanopore) para sequenciamento de DNA por leituras maiores. A estrutura e os equipamentos do LGBio vêm sendo constantemente ampliada, a partir da sua implantação durante o projeto GENPAC da rede de pesquisa do edital Pro-Centro-Oeste (tendo sido apoiada também por outros projetos do CNPq e CAPES e FAPEG). Nos últimos anos, o Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio) continuou funcionando como uma “facility” que apoia os GTs em termos de análises moleculares.

Além disso, o LGBio tem apoiado de forma intensa os trabalhos desenvolvidos pelos estudantes vinculados às pesquisadoras do INCT: Daniela de Melo e Silva, Mariana Pires de Campos Telles, Rosane Garcia Collevatti e Thannya Nascimento Soares, que atuam no GT em Genética e Genômica Evolutiva do INCT. Além disso, existe parceria com os GTs de ecologia aquática e de comunidades. De 2021 a 2024, foi possível analisar cerca de 6056 amostras de marcadores microssatélites e cerca de 7680 amostras de DNA foram sequenciadas (Sanger) para análises filogeográficas, de filogenia, DNA barcode e outras aplicações. A PCR em tempo real foi utilizada tanto para quantificar as bibliotecas preparadas para sequenciamento no MiSeq quanto diagnóstico molecular e análise de expressão diferencial de genes. Foram realizadas sequenciamento de genoma total no Miseq de cerca de 25 espécies, com o objetivo de caracterização parcial do genoma nuclear para o desenvolvimento de marcadores de marcadores microssatélites e completo do cloroplastidial.

Uma ação importante que continua sendo desenvolvida em parceria com o Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS/IBAMA) de Goiânia foi a de desenvolvimento e padronização de ferramentas moleculares para auxiliar na conservação e no combate ao tráfico de animais silvestres. Além disso, a coleta de

dados moleculares para o projeto “Núcleo de Excelência em Ecologia molecular, genética forense e conservação (BioEMFoCo)”, coordenado pela Dra. Mariana Pires de Campos Telles, e do projeto “Marcadores genéticos como subsídio para reintrodução de Sporophila maximiliani na Região de Cerrado no estado de Goiás”, coordenado pela equipe do CETAS, estão sendo todas realizadas no LGBio. Além disso, novos projetos envolvendo os marcadores já desenvolvidos, estão sendo aplicados para outras espécies de Sporophila. Os marcadores estão sendo aplicados para genotipar e conhecer geneticamente populações, além do desenvolvimento de novas ferramentas de DNA barcode para identificação molecular das espécies. Nesse contexto foram genotipados indivíduos de mais de 10 espécies do gênero Sporophila utilizando marcadores desenvolvidos para uma das espécies conhecida popularmente como Bicudo. O desenvolvimento e aplicação dos marcadores foram realizados no contexto do LGBio, por estudantes de mestrado e graduação, em parceria com o CETAS.

Ainda em parceria com o CETAS, foram realizados o sequenciamento do genoma total de duas espécies de aves: Ramphastos toco e Sporophila colaris. O genoma dessas espécies foi sequenciado em plataforma Miseq Illumina com objetivo de desenvolver marcadores moleculares e caracterizar o genoma mitocondrial das espécies. Nesse sentido de descrever o genoma mitocondrial, o genoma de três espécies de Sporophila foram sequenciados utilizando a plataforma MinION Nanopore. Os dados gerados foram trabalhados por estudante de mestrado do programa de Pós-graduação em Ecologia e Evolução da UFG em parceria com o CETAS.

Além dos objetivos de caracterização genômica, outros trabalhos foram realizados com essa parceria, visando o estudo da microbiota do trato intestinal de tamanduás. Foram realizados sequenciamentos de 16 amostras de tamanduás resgatados pelos CETAS, utilizando a técnica de metabarcoding, para identificar de forma molecular os microorganismos presentes nas fezes de indivíduos dessas espécies.

Além disso, também foram estabelecidas parcerias com pesquisadores da área de nutrição animal, com pesquisadores vinculados ao ICB da UFG e à Escola de Zootecnia e Veterinária da UFG, assim como o envolvimento da empresa Koneksi Inovação Agro LTDA, incubada na UFG. Nesse contexto, foi possível a realização de experimentos de metabarcoding de líquido ruminal e fezes de bovinos visando analisar a influência de tratamentos na microbiota desses animais.

Nos últimos anos, considerando a estrutura montada e as manutenções periódicas dos equipamentos que foram financiadas pelo INCT, também foi possível

manter o atendimento de demandas externas ao projeto e à UFG para o sequenciamento Sanger e a genotipagem de microssatélites, oriundos de projetos coordenados por professores e pesquisadores do IPTSP/UFG, da EVZ/UFG, Escola de Agronomia/UFG, da UEG e da PUC Goiás.

Em março de 2020, no início da pandemia, as atividades presencias foram suspensas no LGBio em função das notas técnicas da SMS e dos decretos das entidades de saúde. Todavia, como o LGBio dispõe de toda essa estrutura de laboratório e corpo técnico, atualmente mantida pelo INCT, a Dra. Mariana Pires de Campos Telles, juntamente com outros pesquisadores participaram de um edital emergencial da FAPEG para enfrentamento da pandemia em Goiás e aprovaram um recurso de custeio para mapear as variantes genéticas do coronavírus em Goiás (ver seção 4.1 acima). Assim, as atividades do laboratório (LGBio) retornaram em agosto de 2020, exclusivamente para a condução dos experimentos do projeto do sequenciamento do SARS-CoV-2. É importante ressaltar que isso só foi possível porque a estrutura física e de pessoal qualificado já existia e estava sendo mantida pelo INCT. Com isso, a equipe do INCT, em colaboração com outros pesquisadores da UFG e bolsistas do INCT utilizou essa estrutura de laboratório e de análise de bioinformática para sequenciar mais de 500 amostras de pacientes de coronavírus que estavam circulando em Goiás, contribuindo de forma efetiva para as políticas públicas de combate à pandemia no estado. Por meio desse projeto de vigilância genômica, foram realizadas 28 rodadas de sequenciamento na plataforma Miseq da Illumina, contribuindo de forma significativa para a identificação das variantes de SARS-CoV-2 que estava circulando do estado de Goiás, com aproximadamente 2300 amostras de pacientes provenientes dos municípios do estado de Goiás. As amostras foram encaminhadas pela Secretaria de Saúde do Estado e do Município de Goiânia, respectivamente, que formalizaram parceria com o projeto para realizar a vigilância genômica e a rastreabilidade das variantes circulantes no estado.

Ainda com o objetivo de contribuir com a vigilância genômica do SARS-CoV-2, foi realizada a parceria do LGBio e INCT com a REDE SEQV-BR liderada pela Profa. Ester Sabino (USP/SP) com financiamento da Magazine Luiza, que envolveu pesquisadores de vários municípios Brasileiros a fim de monitorar os casos nacionalmente e expandir a capacitação de pessoas e consequentemente e capacidade de vigilância genômica. Nesse projeto, foi adquirido um novo equipamento para sequenciamento MinION M1kc o qual foi utilizado para sequenciar 488 amostras provenientes de Goiânia para identificação das variantes de SARS-CoV-2. O INCT

participou da geração de dados, aquisição de alguns reagentes e investiu na capacitação de pesquisadores nas técnicas novas de sequenciamento.

Com a aquisição do MinION M1kc e treinamento técnico nessa metodologia, foram realizados 3 projetos de sequenciamento de genoma total. O sequenciamento do genoma de muriqui foi realizado com reagentes adquiridos pelo INCT e provenientes da participação do Projeto Org.one da Nanopore para sequenciamento rápido de genomas de espécies que são ameaçadas de extinção. Foram sequenciados 2 espécies de muriqui, sendo que uma foi realizada em plataforma MinION e a outra em plataforma PromethION. O sequenciamento do Pequi fez parte integrante do Projeto universal 'Recursos genômicos de Caryocar brasiliense (Caryocaraceae): genes de interesse biotecnológico e resposta à mudança climática', coordenado pela profa. Mariana Pires de Campos Telles.

Sequenciamentos de genomas em plataforma Nanopore também foram realizados para uma espécie de abelha Melipona fasciculata em plataforma PromethION P2 solo em parceria com o prof. Rhewter Nunes da Universidade Estadual de Goiás (UEG) e Guariroba (Syagrus oleraceae) em parceria com prof. Lázaro José Chaves, da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás e Profa. Thannya Nascimento Soares.

Tendo em vista a expansão da geração de dados genômicos, pesquisadores vinculados ao INCT utilizaram a plataforma NextSeq (Illumina) para o sequenciamento do genoma do Pequi e Guariroba, dois importantes recursos genéticos do Cerrado. A plataforma foi utilizada com recursos técnicos e de reagentes do INCT em colaboração com a empresa Biovida em Goiânia que possui o equipamento. O projeto do Pequi foi realizado no contexto do projeto universal: 'Recursos genômicos de Caryocar brasiliense (Caryocaraceae): genes de interesse biotecnológico e resposta à mudança climática', coordenado pela profa. Mariana Pires de Campos Telles. Nesse projeto, foi padronizado a extração de RNA de tecidos de árvores de Pequi e foi realizado o sequenciamento visando a identificação de genes expressos e também auxiliar na caracterização final do genoma nuclear dessa espécie. Por outro lado, o sequenciamento da Guariroba, foi realizado em colaboração com prof. Lázaro José Chaves, da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, um projeto liderado pelo Profa. Thannya Nascimento Soares.

A plataforma NextSeq foi utilizada em colaboração com o laboratório HLAGyn em Aparecida de Goiânia para a genotipagem de baixa cobertura do Baru (Dipteryx alata). Para tanto, foram sequenciados 24 indivíduos dessa espécie. Esse experimento

foi realizado em parceria com o prof. Lázaro José Chaves, da Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Profa. Thannya Nascimento Soares e projeto ComBaru.

Além de sequenciamento genômico nuclear e cloroplastidial, está em desenvolvimento a metodologia de genotipagem por sequenciamento (GBS) para marcadoes microssatélites (SSR-GBS). Para tanto, foram testados para algumas espécies o desenvolvimento de primers com a intenção de padronizar a genotipagem por sequenciamento de marcadores do tipo microssatélites, sendo elas: 1) Perinha (Eugenia klotzschiana) em colaboração com Prof. Lázaro José Chaves; 2) Muriqui em colaboração com os projetos de conservação Muriqui Instituto de Biodiversidade e pesquisadores do estado de Minas Gerais, com o Prof. Fabiano Rodrigues de Melo e, 3) peixe ornamental (Laimosemion kerovskyi) em colaboração com pesquisadores do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), 4) Baru (Dipteryx alata) em colaboração com Prof. Lázaro José Chaves e a rede ComBaru. 5) Onças (Panthera onca) em colaboração com Projeto Araguaia Vivo e Prof. Eduardo Eisirik da UFRGS Todos esses sequenciamentos foram realizados em plataforma Miseq Illumina.

Em parceria com o Programa Araguaia Vivo 2030, foram realizados diversos experimentos de metabarcoding para identificação da biodiversidade utilizando amostras ambientais. Nesse contexto, foram utilizadas amostras de água de cerca de 144 pontos coletadas ao longo do rio Araguaia para sequenciamento e identificação molecular de zooplâncton (COI), fitoplâncton (DNAr 18S), e peixes (DNAr 12S). Foram também realizadas análises por metabarcoding em amostras de solo de 3 pontos coletados no parque estadual da Serra Dourada e Dos Pirineus para identificação de fungos (ITS), plantas (rcbL) e eucariotos (DNAr 18S) de forma molecular.

4.5. Integração com ONGs e apoio a políticas públicas

Logo no início das atividades do EECBio, ainda em 2017, surgiu uma possibilidade de parceria entre o EECBio e a ONG Fundação “O Boticário de Proteção à Natureza” (FGB; uma das parceiras do EECBio, conforme projeto do CNPq) a fim de elaborar um projeto de Pagamento por Serviços Ambientais (PSA), no município de Silvânia/GO, trabalhando em colaboração com a equipe da Prefeitura Municipal (inclusive com um projeto PELD na Flona de Silvania, localizada no município, coordenado pela Profa. Rosane Collevatti e pelo Prof. Rogerio Bastos – ambos *PI*s de GTs do EECBio). Já existe uma relação de longa data com essa prefeitura, que se mostrou interessada em implementar um PSA para o município. Foi realizada uma reunião inicial entre as coordenações do EECBio e PELD com a Prefeitura de Silvânia e, em um segundo momento, foi discutida a implantação do PSA com a equipe da FGB (Andre Ferreti, Thiago Valente e Renato Atanazio), que possui bastante experiência no tema (Fig. 4.5.1 e 4.5.2).

Durante a reunião definiu-se que o EECBio disponibilizaria um bolsista DTI-B para trabalhar no projeto, em colaboração com a equipe do Boticário e da Prefeitura, sob a supervisão do Prof. Dr. Rafael Loyola, no âmbito do GT sobre “Conservação da biodiversidade e serviços ecossistêmicos” e Sub-Coordenação de Transferência de Tecnologia & Interação com a Sociedade. Nesse contexto, foi selecionada a bolsista Rafaela Aparecida da Silva.



Fig. 4.5.1. Reunião inicial da coordenação do EECBio (José Alexandre Diniz Filho e Thannya N. Soares) com a equipe da Prefeitura de Silvania (o Prefeito Sr José Faleiro é o 5º, da esquerda para a direita, fila superior) e da Fundação “O Boticário” (Thiago Valente e Renato Atanazio, que estão na extrema direita da foto, na fila inferior), ainda em 2017.



Fig. 4.5.2. Reunião da Dra. Rafaela Aparecido (bolsista DTI-B EECBio), apresentando o projeto do PSA para os vereadores e secretários do município de Silvânia. O crédito para esta foto é Renato Miranda (ICMBio Flona Silvânia)

Ao longo de 2018 a Dra. Rafaela Silva começou os trabalhos a fim de implementar o PSA no município de Silvânia, GO, visando garantir a provisão de água no município, selecionando como área prioritária a bacia hidrográfica de abastecimento público, e que será administrado pela Secretaria Municipal de Meio Ambiente. O Projeto de Lei do PSA foi apresentado para diferentes públicos de Silvânia, como Conselho Municipal de Meio Ambiente e Câmara dos Vereadores, os quais deram parecer favorável quanto à possibilidade de aprovação. O projeto de lei foi em seguida analisado pelo setor jurídico da Prefeitura Municipal, para então seguir para a votação pelo Poder Legislativo. No dia 21/12/2018, a Lei n. 1.938/18, que institui a Política Municipal de Serviços Ambientais e o Programa de Pagamentos por Serviços Ambientais do município de Silvânia/GO, foi aprovada (ver *https://www.eecbio.ufg.br/up/1004/o/Lei_1938_18_Servi%C3%A7os_ambientais09012019.pdf*). As próximas etapas da equipe de trabalho consistem em estabelecer os mecanismos de compensação e monitoramento da fase de implementação do Programa de PSA.

Em 2018, o Programa de PSA-Silvania participou do 1º Ciclo de Aceleração da Rede Oásis, desenvolvido pela FGB, o qual auxiliou no estabelecimento de metodologias, planos de ação e desenho do esquema de governança. A Aceleração possibilitou a interação e troca de experiências com outros parceiros da Rede Oásis, os quais também desenvolvem Programas de PSA de escalas estadual e municipais no Brasil. Além desta rede de parceiros, pode-se estabelecer as metas e delinear as próximas atividades das etapas de estruturação e implementação do PSA de Silvânia. O foco será captar recursos financeiros, por meio de um plano de negócios de impacto com investidores privados e definir os métodos de valoração e monitoramento do PSA. As etapas desenvolvidas foram apresentadas de forma oral no evento internacional *"Ecosystem Services Partnership (ESP) Latin America Conference"*, em outubro de 2018.

É importante ressaltar, no contexto de ONGS e do projeto sobre eDNA e monitoramento o Rio Araguaia propostos em 2023 no GT em Ecologia Aquática (ver seção 3.8. acima) mas incorporando também ações dos GTs em "Macroecologia e Macroevolução" e "Modelagem de Nicho e Mudança Climática"), estabeleceu-se recentemente uma outra parceria, com a *Tropical Water Research Alliance* (TWRA) (ver https://www.thetwra.org/). A TWRA é uma organização social sem fins lucrativos criada no contexto do novo marco legal de C&T&I do Brasil, sendo considerada uma ICT ("Instituição de Ciência e Tecnologia"). A TWRA é uma organização social multi-institucional e internacional baseada na ampliação da cooperação internacional entre Brasil e Austrália, com o objetivo de desenvolver, gerenciar e implementar metodologias, construir diagnósticos e propor ferramentas e modelos para a gestão integrada dos ecossistemas aquáticos, envolvendo diversos atores sociais (empresas, governo e sociedade) para a resolução de problemas em bacias hidrográficas tropicais.

Nesse contexto, iniciou-se o programa de pesquisa e conservação "Araguaia Vivo 2030". O programa está sendo desenvolvido a partir de um novo modelo de financiamento pela FAPEG, com repasse de recursos diretamente para a TWRA por um convênio que é coordenado pela Prof. Dra. Mariana Telles (sendo Prof. Ludgero G Vieira o vice-coordenador). Os recursos investidos são da ordem de 15 milhões de reais para 3 anos, com o objetivo de propor uma avaliação e caracterização ambiciosa da bacia do rio Araguaia, considerando sua biodiversidade e condições ambientais, em amplas escalas espaciais e temporais, utilizando metodologia inovadoras a fim de guiar, com base em evidência científicas, políticas integradoras que permitam a conservação e o uso sustentável dos recursos naturais da bacia, estimulando o desenvolvimento socioeconômico da região em longo prazo. Em um contexto mais amplo, o programa é

importante por se inserir no contexto de um maior reconhecimento das ameaças em escala global à biodiversidade de água doce e da necessidade de proteger e, quando necessário, restaurar, os ecossistemas fluviais e florestas adjacentes.

A partir de diversas interações iniciadas pelo Araguaia Vivo 2030 com a TWRA, foram também retomadas as discussões com os pesquisadores do Instituto Onça-Pintada (ver “produção técnica” abaixo e GT em Genética & Genomica Evolutiva, seção 3.4), em um contexto mais amplo de análises de biodiversidade e turismo no contexto do “Corredor do Araguaia” (“Corredor da Onça”) (Fig. 4.5.3). De fato, foram realizadas diversas discussões com o grupo do IOP (Fig. 4.5.4) e outra visita técnica para finalização das discussões metodológicas entre 26 e 30 de dezembro de 2025, para consolidar os trabalhos e as analises a serem realizadas para o corredor do Araguaia. Foram compiladas nos trimestres 5 e 6, com apoio do bolsista Marco Aurelio Elias do EECBio (que passou a ser bolsista do Araguaia Vivo a partir de fevereiro de 2025), um grande número de variáveis ecológicas, ambientais e de ocupação humana ao longo do Araguaia (Fig 4.5.5 a 4.5.6), com as análises iniciais sendo realizadas a partir do início de 2025, utilizando modelos de Análise Fatorial e regressões múltiplas espaciais. Essas mesmas informações serão utilizadas para análises colaborativas com o grupo de pesquisa em “Turismo e Pesca” do Programa Araguaia Vivo, além de análises de ecologia de paisagem das onças no corredor, em fase de finalização pela bolsista Francesca Palmeira, do INCT EECBio.

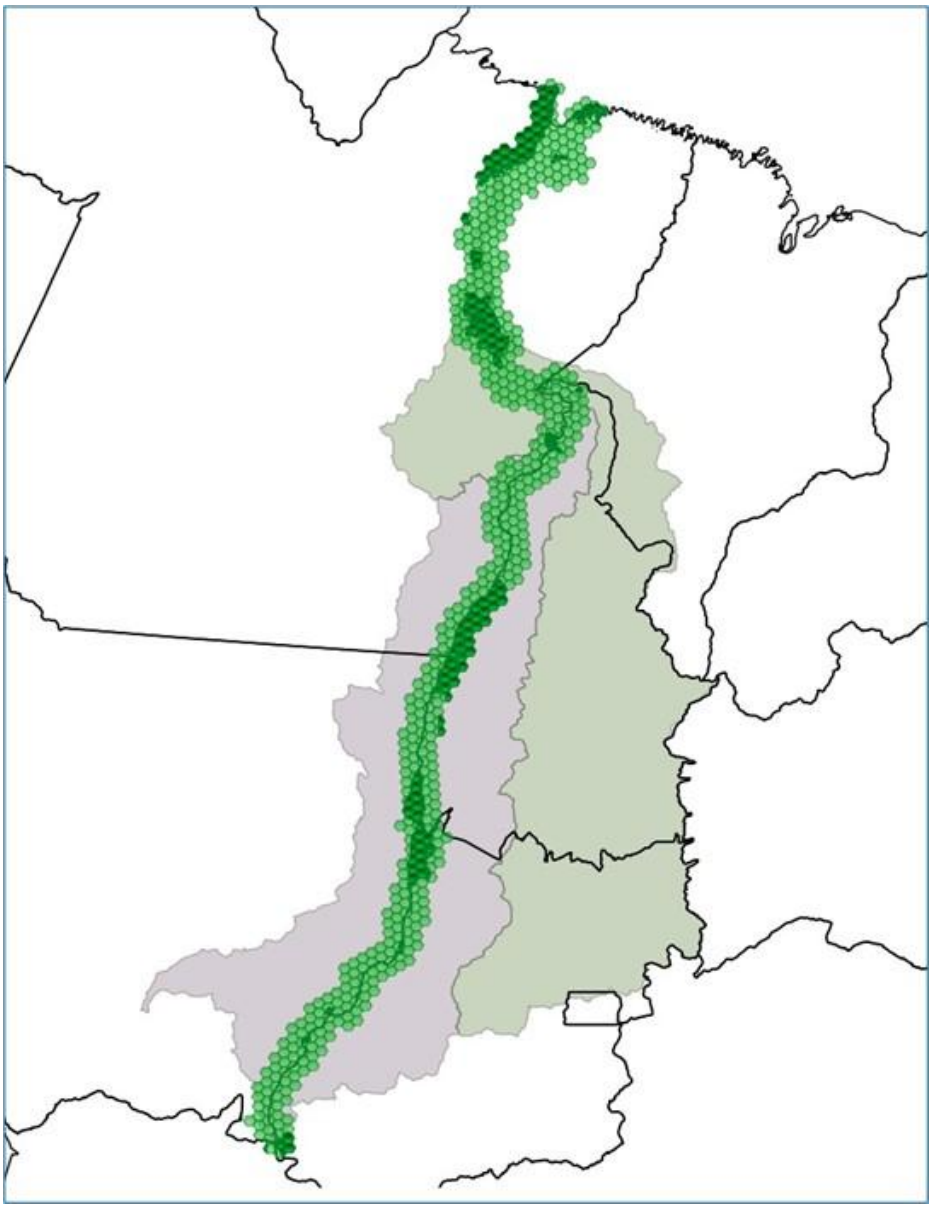


Fig. 4.5.3. Corredor ecológico do Araguaia (“Corredor da Onça”), proposto pelo IOP, modelado por células hexagonais cobrindo uma faixa de 20 km em cada uma das margens do Araguaia-Tocantins (nessa aplicação, hexágonos em verde mais escuro indicam a presença de unidades de conservação).



Fig. 4.5.4. Reunião entre a equipe do IOP e Araguaia Vivo no EECBio para definição de estratégias para integração dos dados do corredor ecológico do Araguaia (“Corredor da Onça”) ao Portal do Araguaia da Atividade sobre o “Sistema para armazenar, gerenciar e compartilhar informações”).

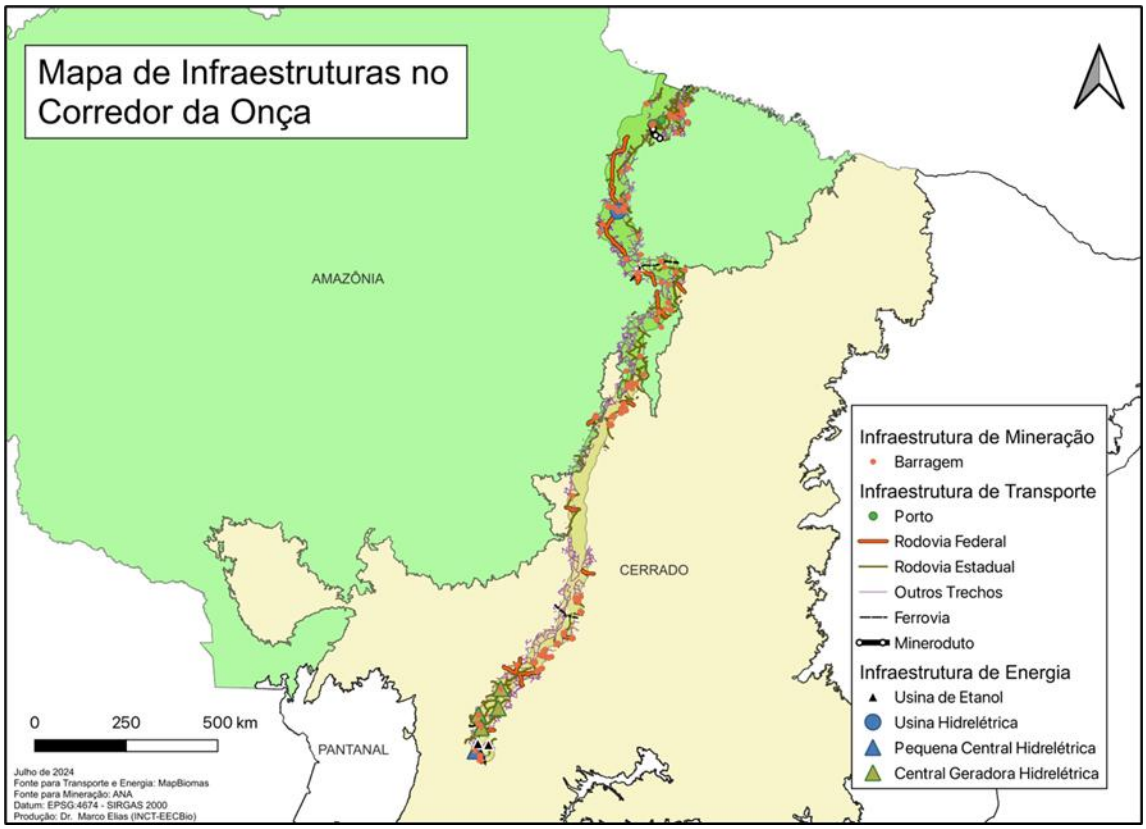


Fig. 4.5.5. Mapeamento inicial de algumas infraestruturas humanas ao longo do corredor do Araguaia, no contexto das análises do “corredor do Araguaia” (“corredor da Onça”).

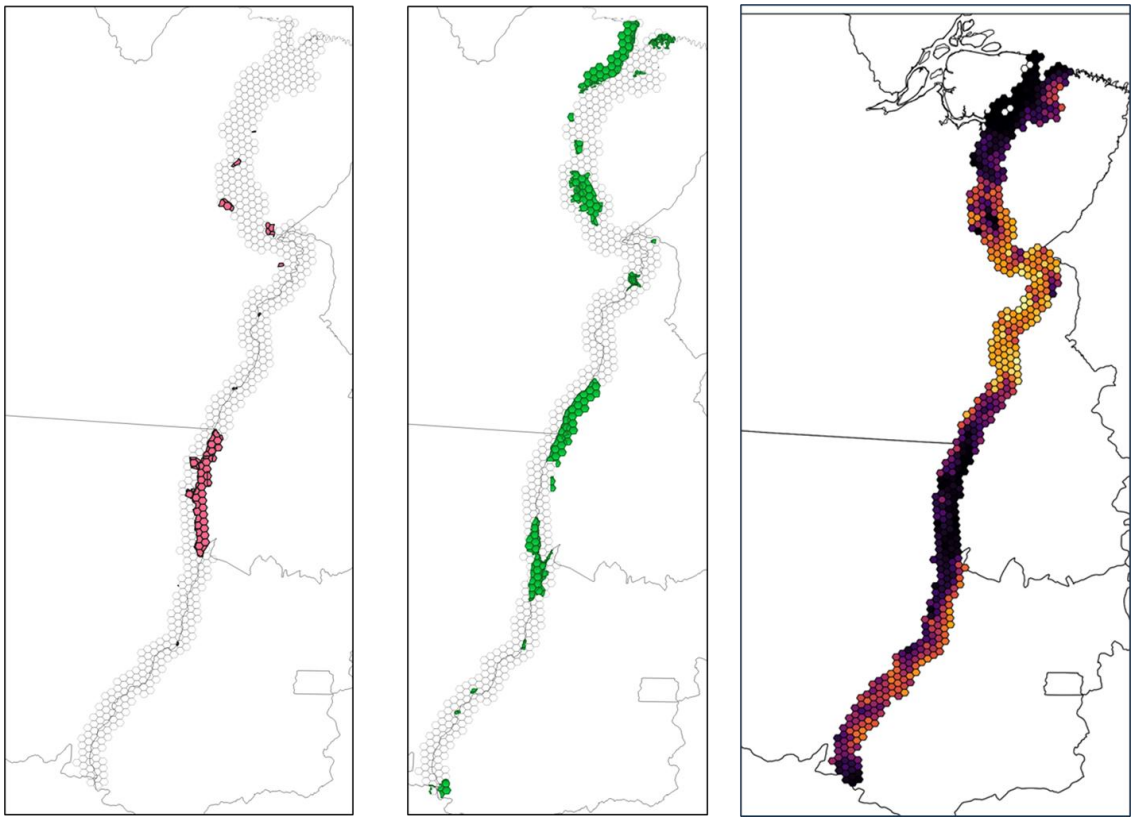


Fig. 4.5.6. Mapas de algumas variáveis nos hexágonos do corredor do Araguaia, incluindo, da esquerda para a direita, a presença de unidades de conservação, áreas com maior proporção de ambientais naturais e produção de soja.

5. AVALIAÇÃO DA EQUIPE E PRODUÇÃO CIENTÍFICA

5.1. Equipe

Um dos objetivos do EECBio é avaliar a produção científica e capacidade de formação de recursos humanos da equipe (metas 5 e 9). Além de permitir uma avaliação posterior do impacto do EECBio, as avaliações cienciométricas podem ser pensadas em um contexto "sociológico" mais amplo e, de fato, constituem uma linha de pesquisa própria. Após a finalização do projeto serão realizadas análises mais amplas de impacto e abrangência do EECBio, com foco nas interações criadas entre os pesquisadores e nos avanços em termos de redes mais efetivas de C&T gerando inovações e trabalhos de alto impacto.

Considerando a atuação dos pesquisadores de forma mais ampla, a equipe do EECBio (ver Anexo 1) contou com 125 pesquisadores nacionais (sediados em 42 instituições) e 37 internacionais (em 31 instituições em diversos países: Espanha, México, EUA, Canada, Alemanha, França, Itália, Inglaterra, Finlândia, Dinamarca, Argentina, Colômbia, Suíça, África do Sul, Australia e Holanda). Essa composição "a priori" foi definida principalmente em 2014, quando do envio do projeto, mas diversos outros participantes (cerca de 22% do total da equipe) foram incorporados à medida que os projetos e GTs foram sendo desenhados, especialmente a partir de 2018. Ao mesmo tempo, por se tratar de uma equipe bastante grande e heterogênea, é preciso considerar que, por diversas razões, o nível de envolvimento "a posteriori" com o EECBio foi bastante variável.

Desse modo, aproveitamos a avaliação da Fase I e a discussão sobre os projetos da Fase II (desencadeada pela liberação de novos recursos da FAPEG em 2021 e pela prorrogação/refinanciamento pelo CNPq em 2022; ver o histórico na seção 2.2), para classificar a equipe em 3 níveis de envolvimento com as atividades de pesquisa. Temos os pesquisadores que são coordenadores dos projetos propostos e aprovados pelo CG, que são considerados **Pesquisadores Principais** ("*Principal Investigators*"; PI). Outros pesquisadores estão participando ativamente dos projetos e oficinas, e/ou participando com mais frequências das publicações relacionadas diretamente ao EECBio, considerados assim como "**Participantes**" (P). Finalmente, temos outros pesquisadores que, por diferentes razões, possuem uma participação mais eventual ou não se envolveram nos projetos, mas que podem potencialmente ainda contribuir e estavam na equipe original ou esporadicamente aparecem nas publicações dos grupos, sendo considerados como "**Colaboradores**" (C) (ver lista detalhada no Anexo I).

Considerando a classificação acima, para os pesquisadores brasileiros, temos, do total de 125 pesquisadores, 28 Pesquisadores Principais (PI), 63 participantes (P) e 34 colaboradores (C). Os PI estão sediados em 15 instituições diferentes. Em relação à participação dos 37 pesquisadores estrangeiros, entendemos que há uma participação mais efetiva até o momento de 11 pesquisadores (4 PI e 11 P), sediados na Espanha (5), México (2), EUA (1), Itália (1), Colômbia (1) e Finlândia (1).

Finalmente, ainda em relação à equipe, é importante destacar que, em outubro de 2024, foi enviada ao CNPq uma nova proposta na Chamada – MCTI/CNPq/SECTICS/MS/CAPES/FAPs Nº 46/2024 – Programa Institutos Nacionais de Ciência e Tecnologia – INCT, no Tema Estratégico BIOTECNOLOGIA E USO SUSTENTÁVEL DA BIODIVERSIDADE (com temas secundários: Mudança Climática / Desenvolvimento Sustentável dos Biomas Brasileiros). Essa proposta foi aprovada preliminarmente em 20/02/2025, com uma equipe composta por 77 pesquisadores/docentes (49% bolsistas PQ do CNPq), dos quais 22 coordenam os 12 projetos integrados de pesquisa (PIs), além de 28 pesquisadores de pós-doutorado, envolvendo 35 IES de todas as regiões do Brasil. Também colaboram na proposta 28 pesquisadores de 11 países (Estados Unidos, México, Espanha, Alemanha, Inglaterra, Suiça, França, Argentina, Canadá, Portugal e Porto Rico). A equipe totaliza 133 pesquisadores, dos quais 63% já participaram do ciclo I do EECBio. Estão envolvidos na proposta 44 PPGs do Brasil, dos quais 30 estão consolidados (CAPES >= 5), incluindo 13 PPGs de excelência com notas 6 e 7, havendo 131 orientações de mestrado e 182 de doutorado em andamento pelos pesquisadores da equipe. O EECBio está sediado na UFG e associado ao PPG em Ecologia & Evolução que desde 2014 alcançou o nível de excelência na avaliação da CAPES, mantendo, desde 2018, a nota máxima 7.

5.2. Produção Científica

As análises nesta seção foram baseadas nas informações enviadas pelos pesquisadores e por buscas no CV Lattes e nas bases de dados (SCOPUS, WoS), considerando a lista de artigos publicados pela equipe que incluem agradecimentos ou referência ao EECBio, sendo, portanto, produtos mais diretos do projeto (ver seção 5.4; esses números estão provavelmente subestimados, especialmente em função de diversos trabalhos em preparação que ainda serão submetidos ou publicados, mas em função da continuidade do EECBio será possível manter os registros, a partir de 2025). Nesse contexto, considera-se fundamental a análise da mudança das estruturas de coautoria e no estabelecimento de novas redes de pesquisa nacionais e internacionais, conforme Tabela 5.1.

Tabela 5.1. Número total de artigos publicados com agradecimentos/afiliações ao INCT EECBio, divididos entre números de artigos A1-A2 no Qualis da Biodiversidade (percentil SCOPUS > 75%) e número de artigos A (percentil SCOPUS > 50%), número de artigos com colaborações entre 2 ou mais pesquisadores e número de artigos com bolsistas DTI do projeto como autores ou coautores, por ano.

Ano	Total Artigos	Artigos A1-A2	Artigos A	Artigos 2PQ	Artigos (bolsistas DTI)	Artigos em CoAutoria (geral)	Autores Internacionais
2017	18	12	18	8	9	12	5
2018	71	45	62	38	24	57	19
2019	63	40	57	38	30	48	26
2020	64	40	54	34	31	49	20
2021	72	46	64	26	34	47	18
2022	45	23	35	19	20	37	8
2023	61	31	57	23	38	45	11
2024	51	35	46	17	28	36	9
Total	**445**	**272**	**393**	**203**	**213**	**329**	**116**
%		67	96	50	0.52	0.80	0.28

Do total de 445 artigos publicados pela equipe entre 2017 e 2024, ~50% incluem 2 ou mais pesquisadores do EECBio como autores, valor que sobe para 80% se consideradas as coautorias entre um único pesquisador e bolsistas DTI associados ao projeto. Várias dessas parcerias foram estabelecidas nos últimos 5-7 anos, como consequência direta dos projetos em andamento no EECBio, demonstrando a efetividade dos projetos na criação de parcerias. Do total de artigos, 52% incluem os bolsistas DTI (especialmente os bolsistas DTI-A e DTI-B) como autores ou coautores, relevando a importância desses bolsistas para as atividades de pesquisa desenvolvidas

no escopo do EECBio. Essa última métrica tende claramente a aumentar com o tempo. Do total de artigos, cerca de 67% foram publicados em periódicos A1 ou A2 na área de Biodiversidade, a maior parte deles em periódicos com IF > 4.0.

Uma análise realizada em 24/04/2025 na plataforma Web of Science, utilizando os termos "Ecology, Evolution and Biodiversity Conservation" no campo "Agência de Financiamento" (“Funding Agency”), resultou em 120 artigos. Esses artigos, publicados entre 2017 e 2025, receberam 2144 citações. Em média, cada artigo foi citado 17,9 vezes, e o índice h do conjunto foi igual a 23 (ou seja, a equipe do EECBio possui 23 publicações com, no mínimo, 23 citações cada). Vale destacar que esses números são conservadores, considerando a estratégia de busca adotada. De fato, uma busca na Scopus também pelo processo (do CNPq) de financiamento é mais compatível com a lista conhecida de produção científica do EECBio. Esta busca retornou 387 artigos, com um total de 6596 citações e um índice h = 39. Dentro dessa lista de artigos, a UFG aparece com um total de 287 afiliações, seguida pela UFRGS (53), UFRJ (51) e UEG (51).

Em termos de destaque na produção científica, do total de artigos, cerca de 67% foram publicados em periódicos A1 ou A2 na área de Biodiversidade, a maior parte deles em periódicos com IF > 4.0. Foram publicados até o momento 17 artigos em periódicos internacionais de alto impacto, incluindo **4 artigos na *Science*, 1 na *Nature,* 4 na *Nature Communication, 3 na Nature Ecology and Evolution* e 5 no *Proc. Natl. Acad. Science USA*** (PNAS)**.** Considerando a lista de artigos publicados em periódicos de elevado impacto apresentada abaixo, dentre os autores, os nomes dos membros da equipe de pesquisadores aparecem em negrito e os nomes dos bolsistas DTI associados do EECBio estão destacados em vermelho, e nomes de azul indicam pesquisadores estrangeiros (em negrito também aqueles que fazem formalmente parte da equipe do EECBio).

Brum, F.T., Graham, C.H., Costa, G.C., Hedges, S.B., Penone, C., Radeloff, V.C., Rondinini, C., **Loyola**, **R.,** and Davidson, A.D. (2017). Global priorities for conservation across multiple dimensions of mammalian diversity. *PNAS*, *114 (29)* 7641-7646.

Menegotto, A. and **Rangel, T. F.** (2018). Mapping knowledge gaps in marine diversity reveals a latitudinal gradient of missing species richness. *Nature communications, 9(1)*, 4713.

Rangel, T. F., Edwards, N.R., Holden, P.B., **Diniz-Filho, J.A.F.,** Gosling, W.D., Coelho, M.T.P. **Cassemiro, F.A.S***.,* Rahbek, C. and **Colwell, R.K.** (2018). Modeling the ecology and evolution of biodiversity: Biogeographical cradles, museums, and graves. *Science, 361(6399)*, eaar5452.

Saremi, N.F., Supple, M.A., Byrne, A., Cahill, J.A., Coutinho, L.L., Dalén, L., …, **Eizirik, E.**, *et al.* (2019). Puma genomes from North and South America provide insights into the genomic consequences of inbreeding. *Nature Communications, 10(1),* 4769.

De Manuel, M., Barnett, R., Sandoval-Velasco, M., Yamaguchi, N., Garrett Vieira, F., Zepeda Mendoza, M. L., … **Eizirik, E.**, ... *et al*. (2020). The evolutionary history of extinct and living lions. *PNAS 117(20), 10927-10934.*

Dobson, A.P., Pimm, S.L., Hannah, L., Kaufman, L., Ahumada, J.A., Ando, A.W., … **Vale, M.M.** (2020). Ecology and economics for pandemic prevention. *Science, 369(6502)*, 379-381.

Vianna, J.A., Fernandes, F.A.N., Frugone, M.J., **Figueiró, H.V.**, Pertierra, L.R., Noll, D., … **Eizirik, E.**, Nery, M.F. and Bowie, R.C.K. (2020). Genome-wide analyses reveal drivers of penguin diversification. *PNAS 117(36),* 22303–22310.

Rubalcaba, J. G., **Gouveia, S. F., Villalobos, F., Cruz-neto, A. P.,** Castro, M. G., Amado, T. F., **Martinez, P. A., Navas, C. A., Dobrovolski, R., Diniz-Filho, J. A. F., and Olalla-Tárraga, M. A**. (2022). Physical constraints on thermoregulation and flight drive morphological evolution in bats. *PNAS 119,* e2103745119.

Cassemiro, F.A.S., Albert., J.A., Antonelli, A., Menegotto,A., Wüest, R.O., Cerezer, F., Coelho, M.T.P., Reis, R.E., Tan, M., Tagliacollo, V., Bailly, D., Silva, V.F.B., Graça, W.J., Ré, R., Ramos, T., Oliveira, A.G., **Dias, M.S.**, **Colwell, R.K.**, **Rangel, T.F.**, Graham, C.H. (2023). Landscape Dynamics and Diversification of the Megadiverse South American Freshwater Fish Fauna. *PNAS 120,* e2211974120.

Cerezer, F. O., **Dambros, C. S**., Coelho, M. T., **Cassemiro, F. A., Barreto, E.,** Albert, J. S., Wüest, R. O., & Graham, C. H. (2023). Accelerated body size evolution in upland environments is correlated with recent speciation in South American freshwater fishes. *Nature Communications, 14*: 1-11.

Coelho, MTP, **Barreto E**, **Rangel TF, Diniz-Filho, JAF**, Wuest RO, Bach, W., Skeels, A., McFadden IR, Roberts, DW, Pellissier, L., Zimmermann, NE & Graham, C H. (2023) The geography of climate and the global patterns of species diversity. *Nature* https://doi.org/10.1038/s41586-023-06577-5

Pie, M.R., Divieso, R. & Caron, F.S. (2023) Clade density and the evolution of diversity-dependent diversification. *Nature Communications 14, 4576.* https://doi.org/10.1038/s41467-023-39629-5

Rubalcaba, J. G., Gouveia, S. F., Villalobos, F., Olalla-Tárraga, M., & Sunday, J. (2023). Climate drives global functional trait variation in lizards. *Nature Ecology and Evolution, 7*, 524–534.

Boschman, L., Carraro, L., **Cassemiro, F. S**., de Vries, J., Florian, A., Hagen, O., Hoorn, C., Pellissier, L. (2023). Freshwater fish diversity in the western Amazon basin shaped by Andean uplift since the Late Cretaceous. *Nature Ecology & Evolution,* 7, 1-8.

Bialic-Murphy, L. et al. (**Bordin, K.M**; **Müller S.C.**). 2024. The pace of life for forest trees. *Science 386*: 92–98.

Bispo, P. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F.; De Marco, P.**) (2024) Overlooking vegetation loss outside forests imperils the Brazilian Cerrado and other non-forest biomes. *Nature Ecology and Evolution, 8*, 12–13.

Pertierra, R. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F.; Olalla-Tarraga, M. A; Hortal, J.**). (2025). Advances and shortfalls in knowledge of Antarctic terrestrial and freshwater biodiodiversity. *Science* 387, 609-615

A lista completa de publicações está na seção 5.4. Em um sentido mais geral, há muitas publicações em outros periódicos gerais/interdisciplinas de maior destaque (e.g., *Proceedings of the Royal Society*, *Science Advances* e *Scientific Reports*) e nos melhores periódicos de alto impacto na área de Ecologia, Evolução e Conservação (e.g., *Trends in Ecology and Evolution, Ecology Letters, Ann. Rev. Ecol. Evol. Syst., Biological Reviews, Global Ecology and Biogeography, Ecography, Journal of Biogeography, Journal of Applied Ecology, Biological Conservation, Global Change Biology, Ecological Indicators, Biology Letters* e *Biological Reviews,* dentre outros), além das melhores revistas (e.g., em ecologia aquática, por exemplo, *Freshwater Biology, Science of Total Environment, Hydrobiologia*). Como destacado anteriormente, é importante enfatizar que muitos destes trabalhos foram desenvolvidos por pesquisadores que não cooperavam até então e as coautorias foram estabelecidas em função das participações nos projetos e *workshops* desenvolvidos no escopo do EECBio (e.g., Rangel et al. 2018; Coelho et al. 2020; Dala-Corte et al. 2020; Machado et al. 2019; Diniz-Filho et al. 2019, 2021; Vale et al. 2021). A publicação destes trabalhos demonstra assim a efetividade da rede de pesquisa que se desenvolveu a partir dos GTs. Muitos dos trabalhos já são resultados direto dos 18 *workshops* (alguns deles com mais de 2 edições) realizados entre 2017 e 2025 (ver seção 5.3 a seguir).

Os trabalhos publicados até agora com menção explícita ao EECBio envolvem um total de 83 pesquisadores, representando cerca de 72% dos pesquisadores envolvidos nas equipes dos projetos nas duas fases. Como esperado, a distribuição dos artigos entre esses pesquisadores é assimétrica à direita, o que é usual (i.e., com alguns poucos pesquisadores com muitas contribuições; Fig. 5.1). A mediana foi igual a 5 artigos por pesquisador, com 24 pesquisadores tendo participado em 10 artigos ou mais, havendo mais de 846 autorias no conjunto. Considerando o total de publicações (445; Tabela 5.1), que há basicamente dois pesquisadores do EECBio por cada artigo, em média. Dos pesquisadores com maior número de publicações (Tabela 5.2), apenas o Dr. Rafael Loyola não irá participar como PI do ciclo II do EECBio, por estar desde 2019 afastado da UFG e menos envolvido com questões de pesquisa. Em média, 60% da

produção desses pesquisadores nos últimos 8 anos esteve diretamente ligada aos projetos do EECBio.

Em relação aos bolsistas DTI, há 69 autores (em geral os bolsistas DTI-A e DTI-B), alguns deles com mais de 8 autorias ou coautorias no período da bolsa. Dos bolsistas DTI-A ou DTI-B, cerca de 70% já participaram de algum dos artigos, sendo que 20 deles tiveram participação em mais de 5 artigos do EECBio.

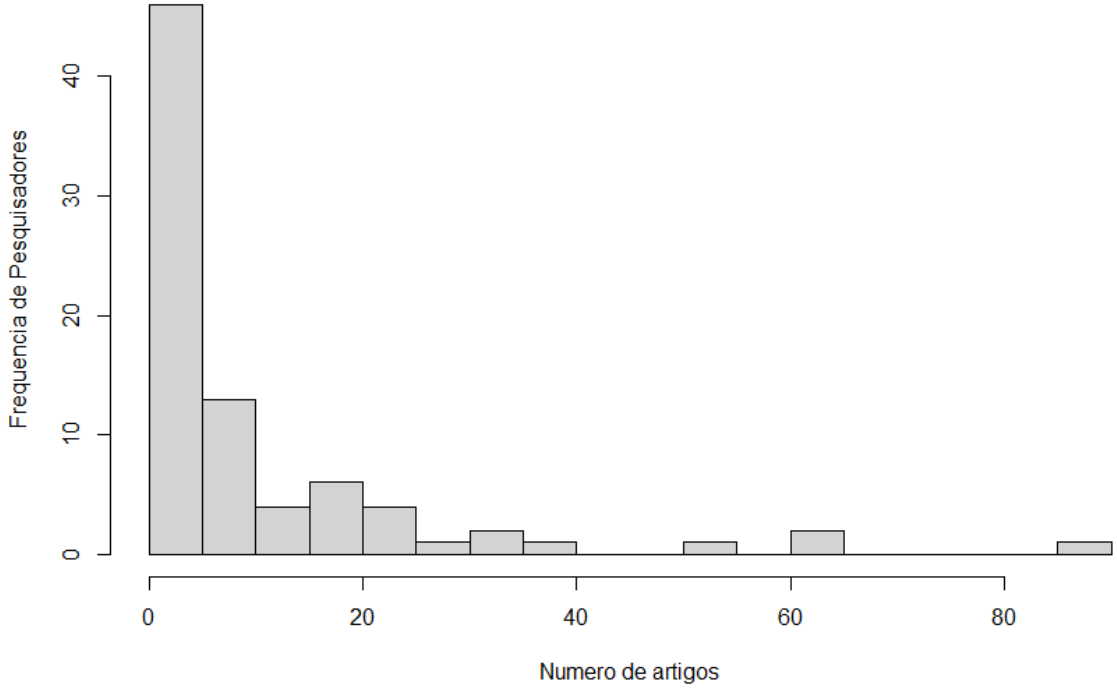


Fig. 5.1, Distribuição do número de artigos por pesquisador do EECBio, entre 2017 e 2024. A mediana da distribuição foi igual a 5 artigos, com 24 pesquisadores publicando mais de 10 artigos.

Tabela 5.2. Os 15 pesquisadores do EECBio, sua IES e GT primário de atuação, com maior número de publicações (N) e % de artigos publicados entre 2017-2024 com referência ao EECBio.

Pesquisador	IES	GT	N	%
Diniz-Filho, J. A. F.	UFG	Macroecologia & Macroevolução	80	71
Loyola, R. D.	UFG	Planejamento em Conservação	65	68
Telles, M. P. C.	PUC-GO/UFG	Genética & Genômica Evolutiva	59	90
Bini, L. M.	UFG	Ecologia Aquática	53	51
Nabout, J. C.	UEG	Ecologia Aquática	39	58
Vale, M.	UFRJ	ENMs & Mudança Climática	34	49
Gouveia, S.	UFS	Macroecologia & Macroevolução	32	76
Terribile, L. C.	UFJ	ENMs & Mudança Climática	22	67
Rangel, T. F.	UFG	Macroecologia & Macroevolução	22	36
Melo, A.	UFRGS	Ecologia Aquática	22	45
Soares, T. N	UFG	Genética & Genômica Evolutiva	21	83
Lima-Ribeiro, M. S.	UFJ	ENMs & Mudança Climática	21	50
Duarte, L.	UFRGS	Comunidades	20	51
Dobrovolski, R.	UFBA	Macroecologia & Macroevolução	19	70
Teresa, F. B.	UEG	Ecologia Aquática	18	31

Em termos dos oito GTs, a produção também é variável (Fig. 5.2), com maior produção acontecendo nos GTs de (ver seção 3). Em alguns poucos casos particulares (i.e., cerca de 20 artigos), um mesmo artigo foi alocado em mais de um GT, considerando a temática do artigo e a participação de pesquisadores mais vinculados a esses GTs.

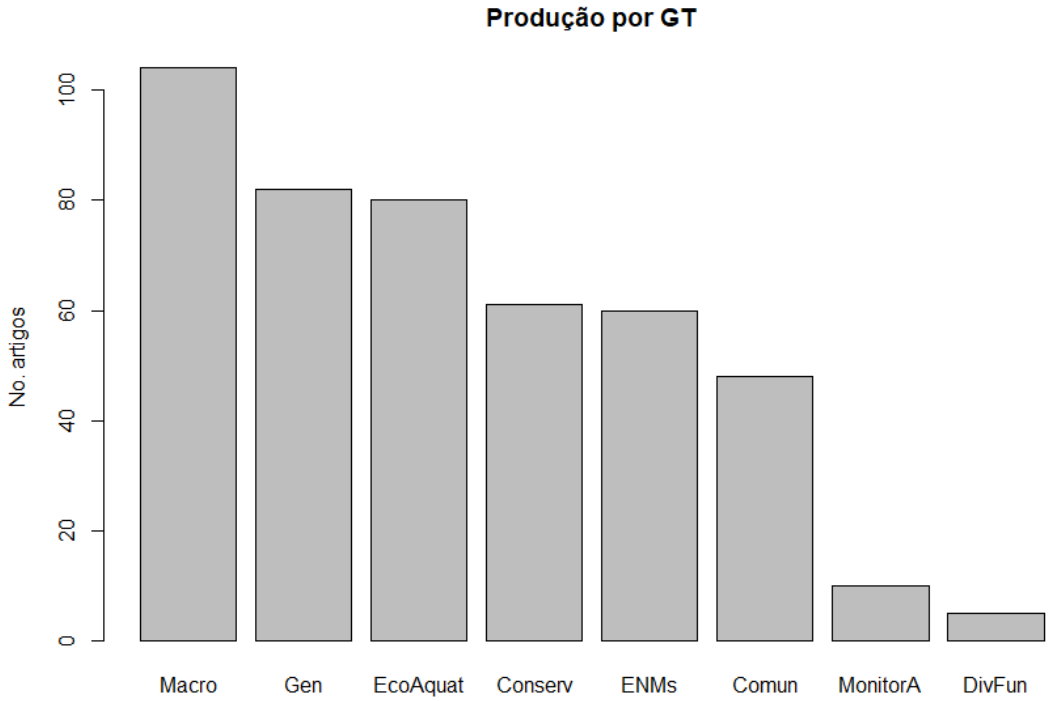


Fig. 5.2. Número de artigos publicados em cada um dos GTs do EECBio (ver seção 3), incluindo "Macroecologia & Macroevolução" (MACRO), "Genética & Genômica" (GEN), "Ecologia Aquatica" (EcoAQUAT), "Conservação da biodiversidade e serviços ecossistêmicos" (CONSERV), "Modelos de Nicho e Mudança Climática" (ENMs) e "Avanços teóricos e metodológicos em Ecologia de Comunidades" (COMUM), "Monitoramento acústico automatizado em larga escala de anfíbios anuros" (MonitorA), e "Diversidade Funcional e Ecossistemas" (DIVFUN).

5.3. Oficinas de Pesquisa ("Workshops")

Foram realizados, a partir do retorno às atividades após o fim da pandemia, 7 workshops presenciais (de um total de 18 desde o final de 2017, um total 2 vezes maior do que o previsto), com grande participação de pesquisadores estrangeiros e de alunos dos PPGs, conforme descrição detalhada a seguir. Alguns dos resultados de pesquisa e mais técnicos das oficinas já foram apresentados no contexto dos resultados dos GTs (seção 3), mas apresenta-se aqui uma síntese e detalhes dos 18 GTs realizados ente 2017 e 2025.

1. Boas práticas em Modelagem de Distribuição de Espécies

Data: 12 e 13 de novembro de 2017

Organização: Paulo De Marco Jr (UFG)

O EECBio sediou um workshop para discutir avanços metodológicos e estabelecer "boas práticas" para modelar distribuição de espécies, um tópico importante com diversas aplicações na área de biodiversidade. O workshop foi organizado pelo Prof. Paulo de Marco Jr (UFG) e contou com a participação de pesquisadores do ICMBio e alunos de Pós-Graduação. Os membros do EECBio que participaram do workshop foram os Profs. Paulo De Marco Jr e Matheus de Souza Lima-Ribeiro (UFG), Daniel de Paiva Silva (IF Goiano) e Marinez Siqueira (JBRJ). Neste encontro foram discutidas questões sobre os principais métodos envolvidos no processo de modelagem de distribuição de espécies e nicho ecológico Grinnelliano. Os participantes abordaram questões acerca dos temas de 1) tamanho de áreas de estudo, 2) resolução espacial de células utilizadas no processo de modelagem, 3) seleção de pseudo-ausências, 4) os principais bancos de dados de ocorrência de espécies e variáveis preditoras (climáticas, topográficas, aquáticas, passadas, futuras), 5) vícios amostrais e seus efeitos sobre os modelos, 6) algoritmos de modelagem, 7) limiares de corte, 8) avaliação dos modelos produzidos, 9) pós-processamento dos modelos, 10) mapas de incerteza e 11) técnicas de *ensemble* dos modelos produzidos.

O objetivo principal do Workshop foi reunir alguns dos pesquisadores atualmente envolvidos com a produção de modelos de distribuição/nicho ecológico no país, com a finalidade de elaborar um “mapeamento” das principais técnicas atualmente consideradas nos estudos envolvendo o tópico. A partir deste mapeamento pretende-se compilar uma publicação de revisão envolvendo estes principais métodos, de maneira a auxiliar os pesquisadores que trabalham na área ou que futuramente se envolvam com tais métodos para melhor direcioná-los sobre quais práticas são mais adequadas para qual tipo de objetivo a ser alcançado.



2. Resgate Evolutivo

Data: 28 a 30 de janeiro de 2018

Organização: José Alexandre Felizola Diniz Filho (UFG)

o EECBio promoveu uma oficina de pesquisa sobre “Resgate Evolutivo” e suas implicações para a conservação da biodiversidade. A oficina foi organizada pelo Prof. José Alexandre Diniz-Filho, envolvendo pesquisadores dos Grupos de Trabalho (GTs) em “Macroecologia & Macroevolução”, “Modelagem de Nicho e Mudança Climática” e “Planejamento em Conservação e Serviços Ecossistêmicos” do EECBio, além de pós-doutorandos, bolsistas DTI do projeto e alunos de graduação e pós-graduação associados aos pesquisadores do grupo. Participaram do evento os pesquisadores do EECBio José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Luis Mauricio Bini (UFG), Rafael Loyola (UFG), Natan Maciel (UFG), Levi Carina Terribile (UFG), Matheus Lima-Ribeiro (UFG), Thiago Rangel, Maria Lucia Lorini (UNIRIO), Ricardo Dobrovolski (UFBA), Sidney Gouveia (UFS), Iberê Machado (Instituto Boitatá), além dos bolsistas DTI do EECBio, Fabricio Rodrigues (UFG), Kelly Souza (UFG), Roniel Freitas (UFG) e Tainá Rocha (UFRJ) e os alunos de pós-graduação e graduação Igor Bione, Ana Carolina Freire e Stephany Borges, da UFG. A oficina foi realizada em parceria com o Projeto PROMOB/FAPESE, para integração entre os programas de Pós-Graduação em Ecologia da UFS, UFG e UFMG.

O conceito geral de “resgate evolutivo” refere-se à possibilidade de adaptação Darwiniana rápida de populações sob forte efeito de estresse ambiental. Mais especificamente nessa oficina foram discutidos: 1) o conceito de resgate evolutivo e os modelos teóricos em genética evolutiva que têm sido utilizados para estudar esse processo, e; 2) a integração desses modelos teóricos com as técnicas de modelagem de nicho ecológico, em um contexto de mudança climáticas e alterações antrópicas da paisagem;3) suas implicações para conservação da diversidade diante dessas mudanças, em diferentes escalas espaciais. Foram implementadas análises para algumas espécies de anfíbios, como organismos-modelo, e discutidas as possibilidades de expandir essas análises para uma escala global, e definidos diversos subprojetos a serem realizados nos próximos anos neste tema.



O primeiro artigo derivado diretamente dessa oficina, com a participação de diversos pesquisadores e bolsistas DTI do EECBio, além de alunos de pós-graduação em Ecologia & Evolução da UFG, foi recentemente publicado na *Ecography*.

3. Novas abordagens para entender a evolução rápida de caracteres das espécies: de ilhas a fragmentos

Data: 01 a 03 de agosto de 2018

Organização: Ana Margarida Coelho dos Santos (Universidad de Alcalá, Madri, Espanha) e José Alexandre Felizola Diniz Filho (UFG)

O EECBio promoveu um workshop onde se discutiram os processos que levam à evolucão de caracteres das espécies de ilhas. Participaram um total de 16 pesquisadores, maioritariamente do EECBio: Ricardo Dobrovolski (UFBA), Joaquín Hortal (Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madri, Espanha), Márcio Pie (UFPR), Thiago F. Rangel (UFG), Rosane Tidon (UnB), os posdocs do EECBio Lucas Jardim (UFG) e Fabricio Rodrigues (UFG) e os alunos de pós graduação Alice Andrade (UFG), Elisa Barreto (UFG), Wanderson Santos (UFG), Rejane Santos da Silva (UFBA) e Kelly Souza (UFG). Participaram também o Prof. Richard Ladle (UFAL) e a PNPD Geiziane Tessarolo (UEG). O EECBio é consciente da necessidade de fomentar a igualdade de género na ciência e na sociedade em geral, sendo por isso relevante destacar o sucesso que este workshop teve nesse sentido, sem diminuir o nível da discussão científica. O workshop foi apoiado também pelo projeto PVE do CNPq do Prof. Joaquin Hortal e por recursos da Universidad de Alcalá.

As ilhas são frequentemente vistas como “laboratórios naturais” para o estudo de processos ecológicos e evolutivos. De fato, muito do entendimento dos processos ecológicos e evolutivos que moldam os padrões de diversidade vem de estudos desenvolvidos em ilhas. Partindo de ilhas oceânicas como o sistema de base, neste workshop se discutiram os processos principais que levam à evolução de traços, sintetizando-se e identificando-se as lacunas no conhecimento atual. Para além disso, se analisou também como todo o conhecimento acumulado para ilhas oceânicas pode ser transladado para outros tipos de ilhas e até para fragmentos de habitats. Finalmente, se discutiram quais as aproximações analíticas e empíricas que permitem estudar estas questões. A partir das parcerias estabelecidas neste workshop vai ser possível desenvolver um trabalho de revisão e publicá-lo em uma revista de bom impacto nesta área de pesquisa. Este workshop serviu também como o ponto de partida para o estabelecimento do estudo da biogeografia e biologia de ilhas no Brasil, uma área de pesquisa até agora pouco estabelecida no nosso país.



4. Macroecologia Humana

Data: 29 a 31 de outubro de 2018

Organização: Ricardo Dobrovolski (UFBA)

O Grupo de Trabalho em Macroecologia e Macroevolução do EECBio promoveu um workshop sobre a aplicação de abordagens macroecológicas ao entendimento dos processos associados à espécie humana. Participaram um total de 16 pesquisadores, maioritariamente do EECBio: Maria Lucia Lorini (UNIRIO), Franco Souza (UFMS), Guilherme Oliveira (UFRB), Bruno Vilela (UFBA), Pablo Martinez (UFS), José Alexandre F. Diniz Filho (UFG), Thiago F. Rangel (UFG), Rafael Loyola (UFG), Mário Almeida Neto (UnB), os bolsistas DTI do EECBio Fabricio Rodrigues (UFG) e Rejane Santos da Silva (UFBA), além dos alunos de pós-graduação Kelly Souza (UFG), Hauanny Rodrigues (UFG) e Christielly Borges (UFG).Participou também o pesquisador Marcos Figueiredo (PNPD/UNIRIO).

A espécie humana é apenas uma entre os milhões de espécies que se estimam compor a biodiversidade da Terra. No entanto, essa espécie tem um desproporcional impacto sobre os processos ecológicos da Terra. Por outro lado, ela também é objeto

de restrições ecológicas gerais, como o efeito da biodiversidade e de aspectos abióticos, além de sua própria organização socioeconômica. Nesse workshop, realizamos uma revisão das abordagens mais recentes para o entendimento dos processos ecológicos dos quais a espécie humana participa e pelos quais é influenciada. Entre as abordagens discutidas estão a revisão sistemática da literatura, os modelos de simulação e o uso de modelos de equações estruturais que buscam compreender relações causais complexas. Estudos empíricos e perspectivas sobre a área de estudo foram planejados durante o encontro. Essa oficina workshop buscou também sistematizar o conjunto de esforços em Macroecologia Humana que vêm sendo realizados pelos pesquisadores do grupo, a fim de fortalecer um programa de pesquisa na área a ser desenvolvido no Brasil.



5. Previsibilidade em Ecologia de Comunidades

Data: 27/02 a 02 de março de 2019

Organização: Tadeu Siqueira (UNESP-RC) e Adriano S. Melo (UFG)

O Grupo de Trabalho em "Ecologia Aquática" do EECBio realizou um workshop sobre a previsibilidade em ecologia de comunidades, com enfase em comunidades aquáticas. Participaram da oficina os professores Tadeu Siqueira (UNESP), André Padial (UFPR), Adriano Melo (UFG), Luis Mauricio Bini (UFG), Thiago Rangel (UFG) e os bolsistas PNPD/CAPES Renato Da la Corte (PPG Biodiversidade Animal) e Renato Martins (PPG Ecologia & Evolução)! Participação especial também do Prof. Wellington Martins do Instituto de Informática da UFG

Entender como a natureza funciona e prever cenários futuros estão entre as atividades mais desafiadoras e interessantes que existem na Ciência. Na Ecologia, boa parte dos estudos foca em descrever e explicar a natureza através de modelos correlativos baseados em observações feitas em campo ou no laboratório. Quando os modelos correlativos estão fracamente conectados com teoria, as explicações tendem a ser tão gerais e superficiais que pouco avanço é alcançado. Isso tem uma consequência negativa para a construção de previsões, já que muitos cientistas acreditam que boas previsões são fundamentais para uma ciência madura. Uma forma de melhor prever padrões ecológicos seria ter um bom entendimento causal. Por outro lado, há uma linha de pensamento que defende a ideia que boas previsões podem ser feitas através de técnicas computacionais que independem de conhecimento causal preciso, por exemplo as técnicas de inteligência artificial. Durante a oficina realizada no INCT, nós discutimos esses temas e estamos preparando um produto que tem como objetivos: (1) esclarecer conceitos e práticas relacionadas à descrição, explicação e previsão em ecologia; (2) sugerir uma estratégia, baseada na ideia de modelos causais, para melhorar nossa capacidade de explicação; (3) esclarecer as vantagens e desvantagens do uso de técnicas de inteligência artificial versus técnicas baseadas em explicação causal para fazer previsões em ecologia.



6. EcoClimate: avanços e atualizações da base de dados climáticos

Data: 06 a 08 de março de 2019

Organização: Levi Carina Terribile (UFG-Regional Jataí), Matheus de Souza Lima-Ribeiro (UFG-Regional Jataí)

A oficina de trabalho sobre o ecoClimate promovido pelo EECBio discutiu estratégias para atualizar e ampliar a base de dados climático/ambientais. A oficina integrou 13 pesquisadores dos Grupos de Trabalho em "Modelos de Nicho e Mudança Climática" e "Macroecologia & Macroevolução": José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Paulo de Marco (UFG), A. Townsend Peterson (The University of Kansas), Marinez Ferreira de Siqueira (Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio De Janeiro), Maria Lucia Lorini (UFRJ), Mariana Vale (UFRJ), João Carlos Nabout (UEG), Ricardo Dobrovolsky (UFBA), Guilherme Oliveira (UFRB), Daniel Paiva Silva (IFG) e Wellington Hannibal (UEG), além de 5 pós-doutorandos: Tainá Rocha (bolsista DTI EECBio), Frederico Valtuille Faleiro (bolsista DTI EECBio), Flávia Machado (Bolsista Doc-Fix Fapeg), as Pesquisadoras Livia Laureto e Caroline Nóbrega, e alunos do Programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução da UFG associados aos projetos dos

pesquisadores do EECBio, Roniel Freitas Oliveira, Hauanny Rodrigues, André Andrade e Micael Rosa Parreira.

O EECBio reconhece a importância da disponibilização de dados e desenvolvimento de ferramentas que visem tratar de questões emergenciais diante das incertezas dos cenários de mudanças globais. Nesse sentido, o ecoClimate tem se destacado no meio científico por fornecer um conjunto de variáveis climáticas, em escala multi-temporal, e de interface amigável e acesso livre. Além da atualização do ecoClimate com a sexta geração de modelos climáticos do IPCC, durante o workshop foram discutidas os novos desenvolvimentos pretendidos para a base de dados, em quatro frentes principais: 1) refinamento da escala temporal dos dados climáticos; 2) flexibilidade de manipulação e elaboração de novas variáveis de interesse ecológico por meio da disponibilização de funções para processamento dos dados, 3) inclusão de novos dados: variáveis de anomalias e extremos climáticos, uso do solo e de ambientes aquáticos; 4) disponibilização de modelos climáticos desenvolvidos em escala regional. Como forma de divulgação do ecoClimate para a comunidade científica, ainda foram delimitadas análises visando comparar as vantagens de se utilizar os dados do ecoClimate em relação a outras bases de dados bem conhecidas (e.g. WorldClim) em estudos de modelagem preditiva.



7. Supressão de fogo e remoção do gado em áreas de Reserva Legal de campos e savanas descaracterizam a biodiversidade desses ecossistemas?

Data: 07 a 09 de abril de 2019

Organização: Valerio Pillar (UFRGS)

Esta foi a principal pergunta que motivou a discussão do grupo de trabalho em diversidade funcional e ecossistemas do INCT Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade. O workshop aconteceu nos dias 7 a 9 de abril em Porto Alegre e reuniu pesquisadores da UFRGS, UFSM , PUCRS, Embrapa CENARGEN, UNESP e Instituto Florestal de São Paulo. Visando avaliar efeitos do manejo com fogo e pastejo em ecossistemas não florestais em vários biomas, será formada uma rede de pesquisa para reunir dados existentes e estabelecer um experimento coordenado em escala nacional. Estima-se que somente no bioma Cerrado há cerca de 30 milhões de hectares de reservas legais com vegetação nativa campestre ou savânica à espera de opções de uso sustentável.



8. Integrando mecanismos fisiológicos a padrões geográficos da biodiversidade

Data: 04 a 06 de abril de 2019

Organização: Sidney F. Gouveia (UFS)

Esta oficina de trabalho do GT em “Macroecologia e Evolução” teve por objetivo discutir a integração de modelos biofísicos e ecofisiologicos com analises geográficas em amplas escalas. A oficina foi realizada de forma conjunta com a equipe do projeto “Ecophysica”, financiado pelo Instituto Serrapilheira, e com o projeto “Atualidades em Macroecologia” apoiada pela Escola de Altos Estudos da CAPES 2019. Participaram da reunião os membros do EECBio Sidney Gouveia (UFS), Pablo Martinez (UFG), Ricardo Dobrovolski (UFBA), Fabricio Villalobos (Instituto de Ecologia, México), José Alexandre Diniz Filho (UFG), Carlos A. Navas (USP), Ariovaldo Cruz-Neto (UNESP-RC), além dos pesquisadores Juan Rubacalba (Espanha/Serrapilheira), Davi Alves (DTI/EECBio) e diversos estudantes de pós-graduação do programa em Ecologia & Conservação da UFS.

O ponto principal da discussão foi entender como princípios básicos em nível de indivíduos, incluindo propriedades físicas da matéria como sua geometria, processos termodinâmicos, hidrodinâmicos e metabólicos, podem ser integrados para entender padrões ecológicos em grandes escalas espaciais e temporais, bem como sua dinâmica em um contexto evolutivo. De modo mais específico, foram estabelecidos planos de trabalho para integrar modelos de dinâmica evolutiva em nivel populacional a modelos ecofisiológicos de equilibrio térmico, avaliar como os processos relacionados à variação na zona termoneutra de mamiferos (morcegos) podem explicar padrões de riqueza e morfologia, incluindo a regra de Bergmann.



9. Técnicas para monitoramento acústico da diversidade de anfíbios

Data: 22 a 24 de maio de 2019

Organização: Rogerio P. Bastos (UFG)

Em maio de 2019, realizamos a primeira reunião do GT de monitoramento acústico, com o objetivo de estabelecer os procedimentos gerais para o projeto, incluindo: a) Apresentar o grupo de pesquisa e os objetivos do projeto; b) Iniciar a seleção dos potenciais localidades e espécies-alvo para realizar o monitoramento acústico de populações; c) Apresentar os procedimentos básicos para instalação dos gravadores autônomos, tomada de dados, armazenamento das gravações e a metodologia de análise; d) Fornecer os equipamentos necessários e instruir a forma de uso. Participaram da reunião 22 participantes: Alessandro Ribeiro de Morais (IFG), Fausto Nomura (UFG), Franco Leandro de Souza (UFMS), Natan Medeiros Maciel (UFG), Rodrigo Lingnau (UFTPR), Wilian Vaz Silva (PUC-GO), José Perez Pombal Júnior (UFRJ), Leandro Juen (UFPA), Gleomar Maschio (UFPA), Felipe Toledo (UNESP), Selvino Neckel (UFSC), Rogerio Pereira Bastos (UFG), Larissa Sayuri M Sugai (UNAM), Juan Ulloa e Diego Llusia (Univ Autonoma Madri). Também participaram os estudantes de pós-graduação Alan Araujo, Carolina Emilia dos Santos, Danielle Carvalho, Isabella Rodrigues, Leonardo Marques de Abreu, Luciana Signorelli, Seixas Rezende e Vinicius Guerra (bolsista DTI do INCT).



10. O papel das propriedades privadas na conservação de serviços ecossistêmicos no Cerrado

Data: 29 a 30 de abril de 2019

Organização**:** Rafael D. Loyola (UFS/FBDS) e Fernando Resende (DTI/EECBio)

O grupo de trabalho em “Conservação da Biodiversidade e Serviços Ecossistêmicos” promoveu um workshop em que foram discutidos trabalhos de síntese sobre o papel de áreas privadas na conservação de serviços ecossistêmicos no Cerrado. O evento foi organizado pelo Prof. Dr. Rafael Loyola (FBDS e UFG) e o Dr. Fernando Resende (UFG), incluiu a participação de pesquisadores de diversas universidades do Brasil e do ICMBio, além de bolsistas DTI do EECBio, pósdocs e alunos de doutorado. Participaram do evento um total de 18 pesquisadores: Carlos Grelle (UFRJ), Gerhard Overbeck (UFRGS), Lara Cortes (ICMBio), Luísa Carvalheiro (UFG), Maria Lucia Lorini (UNIRIO), Mário Almeida Neto (UFG), Milton Ribeiro (UNESP), Paulo De Marco Jr (UFG), Ricardo Dobrovolski (UFBA), Valério Pillar (UFRGS), as bolsistas DTI Leila Meyer (UFG) e Rafaela Silva (EECBio/UFG), além da pósdoc Raísa

Vieira (UFG) e os alunos de doutorado em Ecologia & Evolução da UFG Bruno Ribeiro, Desirée Meireles e Rejane Santos Silva (UFG).

Ainda não dispomos de uma síntese do papel da vegetação nativa encontrada em propriedades privadas em fornecer serviços ecossistêmicos. Nesse workshop, discutimos como realizar um panorama sobre a distribuição dos serviços ecossistêmicos em Áreas de Proteção Permanente (APPs) do Cerrado, incluindo mapeamento da quantidade de serviços representada em APPs da região e avaliação da quantidade de serviços representada em APPs em relação à área que as APPs ocupam no Cerrado. Além disso, durante o workshop propomos dois novos projetos que serão desenvolvidos nos próximos meses. O primeiro pretende avaliar o efeito das mudanças de usos de solos na provisão de serviços ecossistêmicos, usando a relação causal entre índices de paisagem (e.g. nível de fragmentação, conectividade estrutural e funcional) e provisão de serviços (e.g. qualidade da água e controle de doenças). O segundo objetiva avaliar o efeito do relevo e da vegetação nativa protegida em APPs e Reservas Legais na provisão de serviços, tais como polinização e controle biológico. As discussões e parcerias fomentadas pelo workshop possibilitarão o desenvolvimento desses projetos e possibilitarão a publicação em revistas internacionais, contribuindo para o fortalecimento de estudos sobre serviços ecossistêmicos no Brasil.



11. Desvendando os múltiplos efeitos de espécies exóticas em redes ecológicas

Data: 11 a 13 de setembro de 2019

Organização: Mário Almeida Neto (UFG)

O GT de Comunidades realizou um workshop no qual foram propostos dois trabalhos sobre espécies exóticas em redes ecológicas. No primeiro, investigaremos a integração de espécies exóticas em redes ecológicas. Para isso, estamos propondo uma nova abordagem para o conceito e as medidas de integração de espécies em redes ecológicas no qual tanto a abundância e quanto a ausência de interações são levadas em conta. No segundo trabalho, estamos propondo uma abordagem para a investigação de interações entre espécies nativas e exóticas em redes num contexto local e biogeográfico. Durante o evento, fizemos simulações inicias para testar nossas abordagens. Estabelecemos um plano de trabalho e cronogramas individuais de desenvolvimento das duas propostas integrando os membros do workshop.

O evento workshop teve a participação de pesquisadores de cinco pesquisadores doutores, um bolsista DTI do EECBio e dois alunos de doutorado. Participaram do evento um total de oito pesquisadores: Ana Margarida C. dos Santos (Universidad de Alcalá, Espanha), Leandro Duarte (UFRGS), Luísa Carvalheiro (UFG), Marcus V. Cianciaruso (UFG) e Mário Almeida Neto (UFG), o bolsista DTI André Rangel Nascimento (UFG), e os alunos de doutorado em Ecologia & Evolução da UFG Angélica Mamede e Vinicius da Silva Alvarenga (UFG).



12. Lacunas de Conhecimento sobre Biodiversidade

Data: 11 a 13 de novembro de 2019

Organização: Joaquin Hortal (MNCN/CSCI, Madri) e Leila Meyer (DTI/EECBio / PNPD UFMG)

O grupo de trabalho em “Macroecologia & Macroevolução” promoveu um workshop em que foram discutidos trabalhos sobre a temática Lacunas de Conhecimento sobre a Biodiversidade. O evento foi organizado pelo Prof. Dr. Joaquín Hortal (Museo Nacional de Ciencias Naturales, CSIC, Madri, Espanha) e pela Dra. Leila Meyer (bolsista DTI/EECBio, UFG), e incluiu a participação de 17 pesquisadores: os professores doutores Claudio Carvalho (UFPR), Levi Carina Terribile (UFG-campus Jataí), Lúcia G. Lohmann (USP), Priscila Lemes de Azevedo Silva (UFMT), Ricardo Dobrovolski (UFBA) e Thadeu Sobral de Souza (UFMT); o bolsista DTI Lucas Jardim (UFG); os pós-doutorandos André Menegotto Domingos (UFG), Geiziane Tessarolo (UEG) e Rafael Barbosa Pinto (UFG); e os alunos de doutorado em Ecologia & Evolução da UFG Laura Barreto, Lívia Motta, Márcia Kurtz e Max William Almeida.

Durante o workshop, avançamos a discussão sobre construção de um índice que mensure incerteza taxonômica (i.e. probabilidade de uma espécie atualmente aceita deixar de ser aceita no futuro). Discutimos que este índice terá dois componentes: i) número de revisões taxonômicas para o táxon, e ii) a qualidade da descrição/revisão taxonômica. Além disso, foram propostos dois novos trabalhos relacionados às lacunas de conhecimento. No primeiro, investigaremos quais fatores (e.g. distância geográfica, distância ambiental, etc.) determinam que um novo registro de ocorrência represente uma nova espécie. No segundo, avaliaremos como a incorporação de novos registros de ocorrência ao longo do tempo incrementa o conhecimento sobre o range das espécies e sobre os padrões de riqueza de espécies.

Em 2023, retomando após a pandemia, fizemos mais uma rodada de discussão, aproveitando a visita do Dr. Joaquin Hortal em abril, já incorporando novos colaboradores. Uma última reunião presencial do grupo foi realizada em fevereiro de 2024.




NCT
EECBio


INCT
EECBi

13. Aspectos Demográficos de Árvores e suas Relações com Atributos Funcionais

Data: 30 de janeiro a 03 de fevereiro de 2023

Organização: Leandro Duarte (UFRGS), Sandra Muller (UFRGS), Marcus Cianciaruso (UFG)

O grupo de trabalho em Ecologia de Comunidades promoveu um workshop em que foram discutidos trabalhos relacionados à demografia de espécies de árvores e o poder preditivo de atributos funcionais sobre estes parâmetros demográficos. Foram discutidos aspectos relativos à melhor forma de realizar as estimativas de crescimento e sobrevivência de espécies arbóreas, seleção do conjunto de atributos funcionais apropriados para testar as relações com a sobrevivência e crescimento de espécies, além de métodos analíticos para corrigir a não-independência de espécies e seus atributos funcionais. Foram realizadas análises preliminares, e discutidos os próximos passos ligados ao desenvolvimento do projeto.

O workshop teve a participação cinco pesquisadores do INCT EECBio, Leandro da Silva Duarte (UFRGS), Marcus V. Cianciaruso (UFG), Sandra Cristina Müller (UFRGS), Cristiano Agra Iserhard (UFPel), e a bolsista DTI Kauane Maiara Bordin (UFRGS).



14. Padrões Macroecológicos e Biogeográficos no Espaço Ambiental

Data: 06 a 08 de março de 2023

Organização: Marco Tulio P. Coelho (WSL), Catherine Graham (WSL), THiago Fernando Rangel (UFG)

O grupo de trabalho em “Macroecologia & Macroevolução” promoveu, em parceria com o WSL (*Swiss Federal Institute for Forest, Snow and Landscape Research*), da Suiça, uma reunião de trabalho para discutir perspectivas para a análise de padrões macroecológicos e biogeográficos no espaço ambiental, com três objetivos principais: (i) apresentar uma perspectiva sobre macroecologia redefinida no espaço climático, (ii) obter uma visão geral das ideias que podem ser exploradas mudando nosso foco para o espaço climático e (iii) focar em uma ou duas ideias particularmente desafiadoras ou interessantes e estudos de design para explorá-las.

O workshop teve a participação três pesquisadores do INCT EECBio, Thiago Fernando Rangel (UFG), José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Cristian Dambros (UFSM), além da Dra. Catherine Graham, Marco Tulio Pacheco Coelho e Elisa Barreto do WSL/Suiça, além do mestrando em Ecologia e Evolução da UFG, Matheus Lima de Araújo.





15. Nova geração de modelos mecanísticos em macroecologia e macroevolução

Data: 13 a 17 de abril de 2023

Organização: Thiago Fernando Rangel (UFG) e José Alexandre F. Diniz-Filho (UFG)

O grupo de trabalho em “Macroecologia & Macroevolução” organizou uma oficina para desenvolver conceitualmente a fundamentação teórica para uma nova geração de modelos de simulação para estudar a origem e a manutenção dos padrões de diversidade de espécies em grandes escalas de tempo de espaço. Essa nova geração de modelos deverá integrar processos ecológicos (e.g. dinâmica de populações, interações, respostas ambientais) com evolutivos (e.g. fluxo gênico, especiação), desde a escala populacional até a biogeográfica. O principal objetivo é reconstruir os padrões de diversidade de todos os vertebrados da América do Sul desde os últimos 34 milhões de anos.

O workshop teve a participação de 6 pesquisadores do INCT EECBio: Thiago Fernando Rangel (UFG), José Alexandre Felizola Diniz-Filho (UFG), Cristian Dambros (UFSM), Leandro Duarte (UFRGS), Murilo Dias (UnB), Robert Colwell (U. Connecticut

EUA), além dos(as) pesquisadores(as) Fernanda Cassemiro (UFG), Tácio Bicudo (USP), Victor Sacek (USP), Marco Túlio Pacheco Coelho (WSL Suíça), James Albert (U. Lousiana, EUA), Mikael Pontarp (Lund University, Suécia), além do mestrando Matheus Lima (PPG EcoEvol, UFG).

Entre 23 e 25 de maio, tivemos uma continuação do workshop com a visita do Dr. Oskar Hagen (i-DIV, Alemanha), contando também com a participação de Fernanda Cassemiro (PNPD-PPG EcoEvol UFG) e Luis Mauricio Bini (UFG). Em 2024 houve nova reunião em Pirenópolis, com foco nas aplicações do modelo SABER.




INCT
EECBio
Ecologia, Evolução e Conservação
da Biodiversidade
FOREVER
BLUE


EXPLORE

16. Manejo pastoril para conservação de ecossistemas não-florestais em biomas brasileiros

Data: 17 a 21 de abril de 2023

Organização: Valério Pillar (UFRGS)

A oficina foi organizada sob a coordenação do Prof. Valério De Patta Pillar (UFRGS), com recursos do INCT Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade, do GEF-Terrestre e com o apoio do Instituto Oca Brasil. Ela foi motivada pela necessidade de políticas públicas para o manejo de ecossistemas não florestais, onde o uso do fogo tem sido cada vez mais aceito como necessário, porém o manejo pastoril com vistas à conservação da biodiversidade ainda é incompreendido por gestores e pesquisadores. Assim, o objetivo da oficina foi recuperar conhecimento científico e práticas tradicionais, e propor estratégias de manejo para a conservação de ecossistemas não florestais em Unidades de Conservação e Reservas Legais em diferentes biomas brasileiros.





17. DNA Ambiental (eDNA)

Data: 20 e 21 de janeiro de 2025

Organização: Mariana Pires de Campos Telles (PUC Goiás / UFG)

O EECBio sediou um workshop sobre eDNA, realizado em parceria com o programa “Araguaia Vivo 2030” (TWRA/FAPEG) e o projeto PPBio Araguaia (CNPq), com o objetivo de proporcionar um espaço de capacitação e troca de conhecimentos sobre o uso de DNA ambiental (eDNA) metabarcoding como ferramenta para o levantamento e monitoramento de biodiversidade, destacando boas práticas em coleta, preparo de bibliotecas, bioinformática e abordagens inovadoras para análises em um contexto Neotropical.

O workshop foi organizado pela Dra. Mariana Telles (UFG/PUC Goiás) e contou com a participação de diversos pesquisadores do INCT EECBio, convidados e discentes de pós graduação: José Alexandre F Diniz-Filho (UFG), Daniel Cardosode Carvalho (PUC Minas), Heron Hilário (PUC Minas), João Carlos Nabout (UEG), Rhewter Nunes (UEG), Jonathan Ready (UFPA), Karine Machado Borges (UEG), Ludgero Vieira (UnB), Ramilla Santos Braga Ferreira (UFR), Renata Dias (UFG), Thannya Soares (UFG), Cintia Targueta (UFG), Carmen Elene Ruiz (UFG), Ariany Tavares (PPG EcoEvol UFG), Diego Ortiz da Silva (PPG EcoEvol UFG), Janaina Siqueira (PPG EcoEvol UFG), Jocilaine Santos de Jesus (PPG Ecologia, UnB) e Sâmella de Souza Borges (PPG Genetica & Biologia Molecular, UFG).



18. Genômica de Populações para Espécies Não-Modelo: Métodos, Desafios e Avanços no Contexto Latino-Americano

Data: 11 a 13 de fevereiro de 2025

Organização: Thannya Nascimento Soares (UFG)

O EECBio sediou, em fevereiro de 2025, um workshop sobre genética e genômica populacional, com o objetivo de discutir questões teóricas e metodológicas sobre a aplicação de novos métodos de genotipagem de SNPs. Há uma série de desafios na escolha da técnica mais adequadas para cada espécie e questão biológica, especialmente quando se trata de espécies não-modelo, para as quais genomas de referência frequentemente não estão disponíveis. Nos países do sul global, essa dificuldade é agravada pela coexistência de uma rica biodiversidade com limitações tecnológicas e de recursos, que dificultam a aplicação dessas tecnologias no contexto local. Assim, o workshop busca promover a integração e o intercâmbio de experiências entre pesquisadores que têm trabalhado com diferentes abordagens para trabalhar com essas metodologias.

O workshop foi organizado pela Dra. Thannya Soares (UFG) e contou com a participação de diversos pesquisadores do INCT EECBio: Mariana Pires de Campos Telles (PUC Goiás/UFG), Jacqueline Lima (ITV), Renata Dias (UFG), Rhewter Nunes (UEG), Marco Pessoa (EMBRAPA), Marilia Lion (UFG), Adrian Gardia (UFRN/UFG), Carmen Ruiz (INCT EECBio), Kassia Marques (INCT EECBio), Alexandre Coelho (UFG), Cintia Targueta (UFG), José Alexandre Diniz Filho (UFG), Carolina Sansaloni (CIMMYT, México - online) e César Petroli (CIMMYT, México)



5.4. Publicações do EECBio

2017

Cabral, A.F., Buosi, P.R.B., Segóvia, B.T., Velho, L.F.M. and **Bini, L.M.** (2017). Taxonomic sufficiency in detecting hydrological changes and reproducing ordination patterns: A test using planktonic ciliates. *Ecological Indicators*, *82*: 227-232.

Costa, C.F., **Collevatti, R.G.**, **Chaves, L.J.**, **Lima, J.S.**, **Soares, T.N.,** and **Telles, M.P.C.** (2017). Genetic diversity and fine-scale genetic structure in *Hancornia speciosa* Gomes (Apocynaceae). *Biochemical Systematics and Ecology*, *72*: 63-67.

Diniz-Filho, J.A.F. and **Raia, P.** (2017). Island rule, quantitative genetics and brain-body size evolution in *Homo floresiensis. Proc. R. Soc. B, 284*: 20171065.

Duarte, L.D.S., **Debastiani, V.J.,** **Carlucci, M.B.**, and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2017). Analyzing community-weighted trait means across environmental gradients: should phylogeny stay or should it go? *Ecology, 99(2),* 385-398.

Brum, F.T., Graham, C.H., Costa, G.C., Hedges, S.B., Penone, C., Radeloff, V.C., Rondinini, C., **Loyola**, **R.,** and Davidson, A.D. (2017). Global priorities for conservation across multiple dimensions of mammalian diversity. *PNAS*, *114 (29)* 7641-7646.

Guimarães, R.A., **Telles, M.P.C**., **Antunes, A.M.,** Correa, K.M., Ribeiro, C.V.G., **Coelho, A.S.G.** and **Soares, T.N.** (2017). Discovery and characterization of new microsatellite loci in *Dipteryx alata* Vogel (Fabaceae) using next-generation sequencing data. *Genetics and Molecular Research, 16*, 1-6.

Figueiró, H. V.,(…), **Eizirik, E.** (2017). Genome-wide signatures of complex introgression and adaptive evolution in the big cats. *Sci. Adv. 2017*,3: e1700299 1

Lima-Ribeiro, M.S., Moreno, A.K.M., **Terribile, L.C.**, Caten, C., **Loyola, R., Rangel, T.F.** and **Diniz-Filho, J.A.F**. (2017). Fossil record improves biodiversity risk assessment under future climate change scenarios. *Diversity & Distributions 23*: 922-933.

Lopes, V.G., Branco, C.W.C., Kozlowsky-Suzuki, B., Sousa-Filho, I.F., Souza, L.C. and **Bini, L.M.** (2017). Predicting temporal variation in zooplankton beta diversity is challenging. *PloS One, 12*(11), p.e0187499.

Machado, K.B., **Teresa, F.B**. and **Nabout, J.C.** (2017). Assessing the spatial variation of functional diversity estimates based on dendrograms in phytoplankton communities. *Acta Botanica Brasilica,* 571-582.

Parreira, M. R., **Machado, K.B.,** **Ramiro, L., Diniz-Filho, J.A.F.** and **Nabout, J.C.** (2017). The roles of geographic distance and socioeconomic factors on international collaboration among ecologists. *Scientometrics,*113: 1539-1550.

Roa, F., and **Telles, M.P.C.** (2017). The Cerrado (Brazil) plant cytogenetics database. *Comparative Cytogenetics, 11*: 285-297.

Rocha, M.P., **Bini, L.M., Siqueira, T.,** Hjort, J., Grönroos, M., Lindholm, M., Karjalainen, S.M. and **Heino, J**. (2017). Predicting occupancy and abundance by niche position, niche breadth and body size in stream organisms. *Oecologia*, 1-12.

Rodrigues, J.F.M., **Diniz-Filho, J.A.F.** (2017). Dispersal is more important than climate in structuring turtle communities across different biogeographical realms. *Journal of Biogeography, 44*: 2109-2120.

Vieira, M.C., **Bini, L.M.,** Velho, L.F.M., Gomes, L.F., **Nabout, J.C.** and **Vieira, L.C.G.,** (2017). Biodiversity shortcuts in biomonitoring of novel ecosystems. *Ecological Indicators*, *82*, 505-512.

Vieira, R.R.S.V., Ribeiro, B.R., **Resende, F.M., Brum, F.T.**, Machado, N., Sales, L.P., Macedo, L., Soares-Filho, B. and **Loyola, R.** (2017). Compliance to Brazil's Forest Code will not protect biodiversity and ecosystem services. *Diversity and Distributions, 24:* 434-438.

Vitória, R.S., Vizentin-Bugoni, J., and **Duarte, L.S.** (2017). Evolutionary history as a driver of ecological networks: a case study of plant-hummingbird interactions. *Oikos, 127*(4), 561-569.

Nori, J., Leynaud, G. C., Volante, J., Abdala, C. S., Scrocchi, G. J., Rodríguez-Soto, C., … **Loyola, R.** (2017). Reptile species persistence under climate change and direct human threats in north-western Argentina. *Environmental Conservation, 45(01),* 83-89.

2018

Almeida-Júnior, E.B., **Collevatti, R.G.**, **Telles, M.P.C.**, **Chaves, L.J.**, Neres, D.F., and **Soares, T.N.** (2018). Short-distance pollen dispersal in a protogynous Annonaceae tree species from the Brazilian Cerrado. *Plant Syst Evol, 304*, 1091-1099.

Alves, D.M.C.C., Diniz-Filho, J.A.F., **Souza, K.S., Gouveia, S.F.,** and **Villalobos, F.** (2018). Geographic variation in the relationship between large-scale environmental determinants and bat species richness. *Basic and Applied Ecology, 27,* 1-8.

Andreu, M.T.C., Arlé, C.E., Minsky, E.M.C., **Laut, L.,** Fortes, R.R., **Lorini, M.L.,** and Figueiredo, M.S.L. (2018) Thermoregulation or habitat selection? Environmental predictors of the body shape variation in sharks (Chondricthyes: Selachimorpha). *Oecologia Australis, 22*, 179-190.

Barros, M.J.F., **Diniz-Filho, J.A.F., Freitas, L.R.** (2018). Ecological drivers of plant genetic diversity at the southern edge of geographical distributions: forestal vines in a temperate region. *Genetics and Molecular Biology, 41*, 318-326.

Belart, P., Clemente, I.M.M.M., Raposo, D., Habib, R., Volino, E.K., Vilar, A., Martins, M.V.A., Fontana, L., **Lorini, M.L.**, Panigai, G.F.V., Frontalini, F., Figueiredo, M.S.L., Vasconcelos, S.C. and **Laut, L.L.M.** (2018). Living and dead foraminifera as bioindicators in Saquarema Lagoon System, Brazil. *Latin American Journal of Aquatic Research, 46,* 1055-1072.

Berriozabal-Islas, C., **Rodrigues, J. F. M.**, Ramírez-Bautista, A., Becerra-López, J. L., & Nieto-Montes de Oca, A. (2018). Effect of climate change in lizards of the genus Xenosaurus (Xenosauridae) based on projected changes in climatic suitability and climatic niche conservatism. *Ecology and Evolution*, 8: 6860–6871.

Boaventura-Novaes, C.R.D., Novaes, E., Mota, E.E.S., **Telles, M.P.C., Coelho, A.S.G.** and **Chaves, L. J.** (2018). Genetic drift and uniform selection shape evolution of most traits in *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae). *Tree Genetics & Genomes, 14* (76).

Bovendorp, R.S., **Brum, F.T.**, McCleery, R.A., Baiser, B., **Loyola, R., Cianciaruso, M.V.**, **Galetti, M**. (2018). Defaunation and fragmentation erode small mammal diversity dimensions in tropical forests. *Ecography, 42*: 23-35.

Braz, A.G., **Lorini, M.L.** and **Vale, M.M.** (2018). Climate change is likely to affect the distribution but not parapatry of the Brazilian marmoset monkeys (*Callithrix* spp.). *Diversity and Distribution, 25*: 536-550.

Brito, C.P.T.A., Guerra, V., Gambale, P.G., Bastos, R.P., Silva, D.M. and **Telles, M.P.C.** (2018). Cytogenetics of two hylid frogs from Brazilian Cerrado. *Genetics and Molecular Biology, 41* (4): 814-819.

Caetano, J.M., **Tessarolo, G.**, Oliveira, G., **Souza, K.S., Diniz-Filho, J.A.F.,** and **Nabout, J.C.** (2018). Geographical patterns in climate and agricultural technology drive soybean productivity in Brazil. *PLoS One, 13(1):* e0191273.

Ceschin, F., **Bini, L.M.,** and **Padial, A.A.** (2018). Correlates of fish and aquatic macrophyte beta diversity in the Upper Paraná River floodplain. *Hydrobiologia, 805*, 377-389.

Coelho, M. T. P., **Diniz-Filho, J. A. F. and Rangel, T. F.** (2018). A parsimonious view of the parsimony principle in ecology and evolution. *Ecography, 42*, 968-976.

Collevatti, R.G., Rodrigues, E.E., Vitorino, L.C., L**ima-Ribeiro, M.S.**, **Chaves, L.J.**, and **Telles, M.P.C.** (2018). Unravelling the genetic differentiation among varieties of the Neotropical savanna tree *Hancornia speciosa* Gomes. *Annals of Botany, 122*: 973-984.

Crispim, B.D.A., Bajay, M.M., Vasconcelos, A.A., Deo, T.G., **Braga, R.S., Telles, M.P.C.**, Vieira, M.D.C., Carnevali, T.D.O., Solórzano, J.C.J. and Grisolia, A.B. (2018). Relationship between Genetic Variability and Land Use and Land Cover in Populations of *Campomanesia adamantium* (Myrtaceae). *Diversity, 10(4)*:106.

Cunha, H.F., Ferreira, E.D., **Tessarolo, G.** and **Nabout, J.C.** (2018). Host plant distributions and climate interact to affect the predicted geographic distribution of a Neotropical termite. *Biotropica, 50*, 625-632.

Diniz-Filho, J.A.F., Santos, W. and **Jardim, L.** (2018). Integrating macroecology and quantitative genetics evolution of body size and brain size under island rule. *Oecologia Australis, 22*, 201-209.

Dobrovolski, R., Loyola, R., Rattis, L.**, Gouveia, S.F.**, Cardoso, D., **Santos-Silva, R.,** Gonçalves-Souza, D., **Bini, L.M.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2018). Science and democracy must orientate Brazil's path to sustainability. *Perspectives in Ecology and Conservation, 16(3)*: 121-124.

Eduardo, A.A., **Martinez, P.A., Gouveia, S.F**., Santos, S., Santos, W., Arag, D., Morales-Barbero, J., Kerber, L. and Liparini, A. (2018). Extending the paleontology - biogeography reciprocity with SDMs: Exploring models and data in reducing fossil taxonomic uncertainty. *PloS One, 13*, e0194725.

Estrada, A., Garber, P.A., Mittermeier, R.A., Wich, S., **Gouveia, S., Dobrovolski, R.**, and Williamson, E.A. (2018). Primates in peril: the significance of Brazil, Madagascar, Indonesia and the Democratic Republic of the Congo for global primate conservation. *PeerJ, 6:* e4869.

Faleiro, F.V., Nemésio, A. and **Loyola, R.** (2018). Climate change likely to reduce orchid bee abundance even in climatic suitable sites. *Glob. Chang. Biol., 24*, 2272-2283.

Fernandes, G.W., Banhos, A., Barbosa, N.P.U., Barbosa, M., Bergallo, H.G., Loureiro, C.G., **Overbeck, G.E**., Solar, R., Strassburg, B.B.N., **Vale, M.** (2018). Restoring Brazil's road margins could help the country offset its CO_2 emissions and comply with the Bonn and Paris Agreements. *Perspectives in Ecology and Conservation, 16*, 105-112.

Gerhold, P., **Carlucci, M. B.,** Procheş, S. and Prinzing, A. (2018). The deep past controls the phylogenetic structure of present, local communities. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics, 49*:1, 477-497.

Giglio, V.J., Pinheiro, H.T., Bender, M.G., Bonaldo, R.M., Costa-Lotufo, L.V., Ferreira, C.E.L., Floeter, S.R., Freire, A., Gasparini, J.L., Joyeux, J.C., Krajewski, J.P., Lindner, A., Longo, G.O., Lotufo, T.M.C., **Loyola, R.,** *et al.* (2018). Large and remote marine protected areas in

the South Atlantic Ocean are flawed and raise concerns: Comments on Soares and Lucas (2018). *Mar. Policy, 96*, 13-17.

Gouveia, S.F., Bovo, R.P., Rubalcaba, J.G., Silva, F.R., **Maciel, N.M.**, Andrade, D.V., and **Martinez, P.A.** (2018). Biophysical Modeling of Water Economy Can Explain Geographic Gradient of Body Size in Anurans. *The American Naturalist*, *193.*

Honório, I.C.G., Coppede, J.S., Delprete, P.G., Costa, F.H.S, **Telles, M.P.C.**, **Braga, R.S., Diniz-Filho, J.A.F.**, *et al*. (2018) Genetic structure and chemical diversity in natural populations of *Uncaria guianensis* (Aubl.) J.F.Gmel. (Rubiaceae). *PLoS ONE 13*(10): e0205667.

Iserhard, C.A., **Duarte, L.,** Seraphim, N. and **Freitas, A.V.L**. (2018). How urbanization affects multiple dimensions of biodiversity in tropical butterfly assemblages. *Biodiversity and Conservation, 28*: 621-638.

Karam-Gemael, M., **Loyola, R.**, Penha, J. and Izzo, T. (2018). Poor alignment of priorities between scientists and policymakers highlights the need for evidence-informed conservation in Brazil. *Perspectives in Ecology and Conservation, 16(3)*, 125-132.

Li, B., **Gouveia, S. Dobrovolski, R.**, ... *et al.* (2018). The primate extinction crisis in China: immediate challenges and a way forward. *Biodiversity and Conservation, 27*: 3301-3327.

Lodi, S., Machado-Velho, L.F., **Carvalho, P.** and **Bini, L.M.** (2018). Effects of connectivity and watercourse distance on temporal coherence patterns in a tropical reservoir. *Environmental Monitoring and Assessment, 190*(10), 566.

Lopes, V.G., Branco, C.W.C., Kozlowsky-Suzuki, B. and **Bini, L.M.** (2018). Zooplankton temporal beta diversity along the longitudinal axis of a tropical reservoir. *Limnology* 20, 121-130.

Lopes, V.G., Castelo Branco, C.W., Kozlowsky-Suzuki, B., Sousa-Filho, I.F., Souza, L.C. and **Bini, L.M.** (2018). Environmental distances are more important than geographic distances when predicting spatial synchrony of zooplankton populations in a tropical reservoir. *Freshwater Biology, 63(12)*, 1592-1601.

Manhães, A.P., **Loyola, R.**, Mazzochini, G.G., Ganade, G., Oliveira-filho, A.T. and Rosa, A. (2018). Low-cost strategies for protecting ecosystem services and biodiversity. *Biol. Conserv., 217,* 187-194.

Maracahipes, L., **Carlucci, M.B**., Lenza, E., Marimon, B. S., Marimon, B.H., Guimarães, F.A.G., and **Cianciaruso, M.V.** (2018). How to live in contrasting habitats? Acquisitive and conservative strategies emerge at inter- and intraspecific levels in savanna and forest woody plants. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics, 34,* 17-25.

Martins, E., Martinelli, G. and **Loyola, R.** (2018). Brazilian efforts towards achieving a comprehensive extinction risk assessment for its known flora. *Rodriguesia, 69*, 1529-1537.

Menegotto, A. and **Rangel, T. F.** (2018). Mapping knowledge gaps in marine diversity reveals a latitudinal gradient of missing species richness. *Nature communications, 9(1)*, 4713.

Meyer, L., **Diniz-Filho, J. A. F.** and **Lohmann, L.** (2018). A comparison of hull methods for estimating species ranges and richness maps. *Plant Ecology & Diversity, 10*(5-6), 389-401.

Michelan, T.S., **Thomaz, S.M.**, Bando, F.M. and **Bini, L.M.** (2018). Competitive effects hinder the recolonization of native species in environments densely occupied by one invasive exotic species. *Frontiers in Plant Science, 9*:1261.

Monteiro, L., Machado, N., Martins, E., Pougy, N., Verdi, M., Martinelli, G. and **Loyola, R.** (2018). Conservation priorities for the threatened flora of mountaintop grasslands in Brazil. *Flora, 238*, 234-243.

Monteiro, L.M., **Brum, F.T., Pressey, R.L.**, **Morellato, L.P.C.**, Soares-Filho, B., **Lima-Ribeiro, M.S.** and **Loyola, R.** (2018). Evaluating the impact of future actions in minimizing vegetation loss from land conversion in the Brazilian Cerrado under climate change. *Biodiversity and Conservation, 29*, 1701-1722.

Morais, A.R., Oliveira, S.R., **Maciel, N.M., Zortea, M.**, Silva, D.A., **Vaz-Silva, W.** and **Lima-Ribeiro, M.S.** (2018). New records of *Rhinella sebbeni* (Anura: Bufonidae) and a predictive distribution map based on ecological niche model. *Herpetology Notes, 11*, 197-199.

Morais, G.F., **Santos Ribas, L.G.**, Ortega, J.C.G., **Heino, J.** and **Bini, L.M.** (2018). Biological surrogates: A word of caution. *Ecological Indicators, 88*, 214-218.

Nabout, J.C., Teresa, F.B., **Machado, K.B.**, Prado, V.H.M., **Bini, L.M.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2018). Do traditional scientometric indicators predict social media activity on scientific knowledge? An analysis of the ecological literature. *Scientometrics, 115(2)*, 1007-1015.

Nascimento, E.R. do, Correia, I., Ruiz-Esparza, J.M. and **Gouveia, S.F.** (2018) Disentangling phylogenetic from non-phylogenetic functional structure of bird assemblages in a tropical dry forest. *Oikos, 127*, 1177-1185.

Nettesheim, *F.C.*, Garbin, M.L., Pereira, M.G., Araújo, D.S.D. and **Grelle, C.E.V.** (2018). Local-scale elevation patterns of Atlantic Forest tree Community variation and assembly drivers in a conservation hotspot in southeastern Brazil. *Flora, 248*:61-69.

Nettesheim, *F.C.*, Garbin, M.L., Rajão, P.H.M., Araújo, D.S.D. and **Grelle, C.E.V.** (2018) Environment is more relevant than spatial structure as a driver of regional variation in tropical tree community richness and composition, *Plant Ecology & Diversity, 11*:1, 27-40.

Neves, W. and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2018). O Hobbit da Ilha de Flores: implicações para a evolução humana. *Ciência e Cultura, 70*, 56-59.

Nori, J., **Villalobos, F.** and **Loyola, R.** (2018). Global priority areas for amphibian research. *J. Biogeogr., 45*, 2588-2594.

Novaes, C.R.D.B., Mota, E.E.S., Novaes, E., **Telles, M.P.C.** and **Chaves, L.J.** (2018). Structure of the phenotypic variability of fruit and seed traits in natural populations of *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae). *Revista Brasileira de Fruticultura, 40(3)*.

Patrizzi, N. S. and **Dobrovolski, R.** (2018). Integrating climate change and human impacts into marine spatial planning: A case study of threatened starfish species in Brazil. *Ocean & Coastal Management, 161*, 177-188.

Pinto-Ledezma, J. et al. (**Villalobos, F. & Diniz-Filho, J. A. F.**) (2019). Drivers of Phylogenetic Assemblage Structure of the Furnariides, a Widespread Clade of Lowland Neotropical Birds. *American Naturalist.* 193, E41-E46.

Primack, R.B., Miller-Rushing, A.J., Corlett, R.T., Devictor, V., Johns, D.M., **Loyola, R.**, Maas, B., Pakeman, R.J., Pejchar, L. (2018). Biodiversity gains? The debate on changes in local- vs global-scale species richness. *Biol. Conserv., 219*, A1-A3.

Rangel, T. F., Edwards, N.R., Holden, P.B., **Diniz-Filho, J.A.F.,** Gosling, W.D., Coelho, M.T.P. **Cassemiro, F.A.S.**, Rahbek, C. and **Colwell, R.K.** (2018). Modeling the ecology and evolution of biodiversity: Biogeographical cradles, museums, and graves. *Science, 361(6399)*, eaar5452.

Rattis, L., **Dobrovolski, R.**, Talebi, M. and **Loyola, R.** (2018). Geographic range-scale assessment of species conservation status: A framework linking species and landscape features. *Perspectives in Ecology and Conservation, 16(2)*, 97-104.

Ribeiro, B.R., **Martins, E**., Martinelli, G. and **Loyola, R.** (2018). The effectiveness of protected areas and indigenous lands in representing threatened plant species in Brazil. *Rodriguésia, 69*, 1539-1546.

Ribeiro, B.R., Sales, L.P., **Loyola, R.** (2018). Strategies for mammal conservation under climate change in the Amazon. *Biodivers. Conserv., 27*, 1943-1959.

Ribeiro, K.F., **Duarte, L.** and Crossetti, L.O. (2018). Everything is not everywhere: a tale on the biogeography of cyanobacteria. *Hydrobiologia, 820(1), 23-48.*

Rocha, M.P., **Bini, L.M., Siqueira, T**., Hjort, J., Grönroos, M., Lindholm, M., Karjalainen, S.M. and **Heino, J.** (2018). Predicting occupancy and abundance by niche position, niche breadth and body size in stream organisms. *Oecologia, 186(1)*, 205-216.

Rodrigues, J.F.M. , **Lima-Ribeiro, M.S.** (2018). Predicting where species could go: climate is more important than dispersal for explaining the distribution of a South American turtle. *Hydrobiologia, 808*, 343-352.

Rodrigues, J.F.M., Olalla-Tárraga, M. Á., Iverson, J.B. and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2018). Temperature is the main correlate of the global biogeography of turtle body size. *Global Ecology and Biogeography, 27*, 429-438.

Santana, L.M., **Nabout, J.C.** and Ferragut, C. (2018). Taxonomic and functional classifications of phytoplankton in tropical reservoirs with different trophic states. *Revista Brasileira de Botânica, 41*, 91-102.

Silva, Y.B.S., Ribeiro, B.R., **Brum, F**., Soares-Filho, B., **Loyola, R.** and Michalski, F. (2018). Combined exposure to hydroelectric expansion, climate change and forest loss jeopardies amphibians in the Brazilian Amazon. *Divers. and Distrib., 24(8)*, 1072-1082.

Targueta, C.P., Guerra, V., Gambale, P.G., Bastos, R.P., Silva, D.M.E. and **Telles, M.P.C**. (2018). Cytogenetics of two hylid frogs from Brazilian Cerrado. *Genetics and Molecular Biology, 41*, 814-819.

Terribile, L.C., Feitosa, D.T., Pires, M.G., Almeida, P.C.R., Oliveira, G., **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Silva-Júnior, N.J.** (2018). Reducing Wallacean shortfalls for the coralsnakes of the *Micrurus lemniscatus* species complex: Present and future distributions under a changing climate. *PloS One, 13(11)*, e0205164.

Trindade-Santos, I., Eduardo, A.A., Moyes, F., **Martinez, P.A**., Magurran, A.E. and **Gouveia, S.F.** (2018). Simulating shifts in taxonomic and functional β-diversity of ray-finned fishes: Probing the Mariana disaster. *Perspectives in Ecology and Conservation, 16*, 186-192.

Vale, M.M., Tourinho, L., **Lorini, M.L**., Rajão, H. and Figueiredo, M.S.L. (2018). Endemic birds of the Atlantic Forest: traits, conservation status, and patterns of biodiversity. *Journal of Field Ornithology, 89*, 193-206.

Velasco, J.A., **Villalobos, F., Diniz-Filho, J.A.F.**, Algar, A.C., Flores-Villela, O., KÖhler, & and Martinez-Meyer, E. (2018). Climatic and evolutionary factors shaping geographical gradients of species richness in Anolis lizards. *Biol J Linn Soc, 123,* 615-627.

Vieira, R.R.S., Ribeiro, B.R., **Resende, F.M**., **Brum, F.T.**, Machado, N., Sales, L.P., Macedo, L., Soares-Filho, B. and **Loyola, R.** (2018). Compliance to Brazil's Forest Code will not protect biodiversity and ecosystem services. *Divers. Distrib. 24*, 434-438.

Zacarias, D. and **Loyola, R.** (2018). Climate change impacts on the distribution of venomous snakes and snakebite risk in Mozambique. *Climatic Change, 152,* 195-207.

Zacarias, D. and **Loyola, R.** (2018). Distribution modelling and multi-scale landscape connectivity highlight important areas for the conservation of savannah elephants. *Biol. Conserv. 224*, 1-8.

Zanon, J.E., Rodrigues, L. and **Bini, L.M**. (2018). Hard to predict: Synchrony in epiphytic biomass in a floodplain is independent of spatial proximity, environmental distance, and environmental synchrony. *Ecological Indicators, 93*, 379-386.

2019

Albuquerque, F., Astudillo-Scalia, Y., **Loyola, R.** and Beier, P. (2019). Towards an understanding of the drivers of broad-scale patterns of rarity-weighted richness for vertebrates. *Biodivers Conserv, 28***,** 3733-3747.

Anton-Pardo, M., Ortega, J. C., **Melo, A. S**., and **Bini, L. M.** (2019). Global meta-analysis reveals that invertebrate diversity is higher in permanent than in temporary lentic water bodies. *Freshwater Biology, 64(12)*, 2234-2246.

Assunção, A.C.R., Alexandrino, R.V., Caiafa, A.N., **Oliveira, G**. (2019). The invasion of *Artocarpus heterophyllus*, jackfruit, in protected areas under climate change and across scales: from Atlantic Forest to a natural heritage private reserve. *Biol Invasions, 21*, 481-492.

Backes, A., Mäder, G., **Turchetto,** C., Segatto, A.L., Fregonezi, J.N., **Bonatto, S.L., Freitas, L.B.** (2019). How diverse can rare species be on the margins of genera distribution? *AoB Plants*, 11, p. plz037.

Barbosa, H.O., Borges, P.P., **Dala-Corte**, R.B., Martins, P.T.A., and **Teresa, F.B.** (2019). Relative importance of local and landscape variables on fish assemblages in streams of Brazilian savanna. *Fisheries Management and Ecology, 26(2),* 119-130.

Barbosa, H.O.**, Machado, K.B.**, Vieira, M.C., Pereira, H.R., Gomes, L.F., **Nabout, J.C.**, **Teresa, F.B. and Vieira, L.C.G.** (2019). Alternatives for the biomonitoring of fish and phytoplankton in tropical streams. *Neotropical Biology and Conservation*, *14(2)*: 361-380.

Barbosa, I.L.B.D., Oliveira, H.R., **Terribile, L.C.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2019). Geographical distribution of *Stryphnodendron adstringens* Mart. Coville (Fabaceae): modeling effects of climate change on past, present and future. *Braz. J. Bot, 42***,** 53-61.

Barreto, E., Graham, C.H. and **Rangel, T.F.** (2019). Environmental factors explain the spatial mismatches between species richness and phylogenetic diversity of terrestrial mammals. *Global Ecol Biogeogr.* 28: 1855– 1865.

Bergamin, R.S., Debastiani, V., Joner, D.C., Lemes, P., Guimarães, T., **Loyola, R.D.**, and **Müller, S.C.** (2019). Loss of suitable climatic areas for Araucaria forests over time. *Plant Ecology & Diversity, 12(2),* 115-126.

Borges C.M., **Terribile, L.C., Oliveira, G., Lima-Ribeiro, G**. and **Dobrovolski, R.** (2019). Historical range contractions can predict extinction risk in extant mammals. *PloS One, 14(9)*: e0221439.

Borges, F., Ribeiro, B.R., Lopes, L.E. and **Loyola, R.** (2019). Bird vulnerability to climate and land use changes in the Brazilian Cerrado. *Biol. Conserv., 236*, 347-355.

Bovendorp, R.S., **Brum, F.T.**, McCleery, R.A., Baiser, B., **Loyola, R.**, **Cianciaruso, M.V.** and Galetti, M. (2019). Defaunation and fragmentation erode small mammal diversity dimensions in tropical forests. *Ecography (Cop.), 42*, 23-35.

Braga, R.S, Pinto, R.B., **Chaves, L.J.**, **Diniz-Filho, J. A. F.**, **Soares, T. N.**, **Collevatti, R.G.** and **Telles, M.P.C.** (2019). Hierarchical genetic and spatial structure among varieties and populations of *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae) in Brazilian savannah. *Tree Genetics & Genomes, 15(6).*

Braga, R.T., **Rodrigues, J.F.M.**, **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Rangel, T.F.** (2019). Genetic Population Structure and Allele Surfing During Range Expansion in Dynamic Habitats. *Anais Da Academia Brasileira de Ciências, 91(2),* 1-12.

Braz, A.G., **Lorini, M.L. and Vale, M.M.** (2019). Climate change is likely to affect the distribution but not parapatry of the Brazilian marmoset monkeys (*Callithrix* spp.). *Diversity and Distributions, 25 (4)*, 536-550.

Brum, F.T., Pressey, R.L., Bini, L.M. and **Loyola, R.** (2019). Forecasting conservation impact to pinpoint spatial priorities in the Brazilian Cerrado. *Biological Conservation, 240*, 108283.

Coelho, M.T.P., **Rodrigues, J.F.M., Diniz-Filho, J.A.F.** and **Rangel, T.F.** (2019). Biogeographical history constrains climatic niche diversification without adaptive forces driving evolution. *Journal of Biogeography, 46(5)*, 1020-1028.

Coelho, M. T. P., **Barreto, E. et al. (Rangel, T. F., Colwell, R. K.) (2019)**. Drivers of geographical patterns of North American language diversity. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences. 286*. 20190242. 10.1098/rspb.2019.0242.

De Bem Oliveira, I., **Nunes, R.,** Mattiello, L., Barros-Ribeiro, S., Souza, I. P., **Coelho, A.S.G.** and **Collevatti, R.G.** (2019). Research and partnership in studies of sugarcane using molecular markers: a scientometric approach. *Scientometrics*, *119,* 335-355.

Diniz-Filho, J.A.F. and **Bini, L.M.** (2019). Will life find a way out? Evolutionary rescue and Darwinian adaptation to climate change. *Perspectives in Ecology and Conservation, 17*, 117-121.

Diniz-Filho, J.A.F., **Jardim, L.,** Mondanaro, A. and **Raia, P.** (2019). Multiple Components of Phylogenetic Non-stationarity in the Evolution of Brain Size in Fossil Hominins. *Evolutionary Biology, 46*, 47-59.

Diniz-Filho, J.A.F., **Jardim, L., Rangel, T.F.**, Holden, P.B., Edwards, N.R., **Hortal, J., Santos, A.M.C. and Raia, P.** (2019). Quantitative genetics of body size evolution on islands: an individual-based simulation approach. *Biology Letters, 15(10),* 20190481.

Diniz-Filho, J.A.F., Souza, K.S., Bini, L.M., **Loyola, R.**, **Dobrovolski, R.**, **Rodrigues, J.F.M.**, **Vale, M. M., Lorini, M. L., Rocha, T.**… **Gouveia, S**. (2019). A macroecological approach to evolutionary rescue and adaptation to climate change. *Ecography, 42(6),* 1124-1141.

Ferreira, P., van Soesbergen, A., Mulligan, M., Freitas, M. and **Vale, M.M.** (2019). Can forests buffer negative impacts of land-use and climate changes on water ecosystem services? The case of a Brazilian megalopolis. *Science of The Total Environment, 685*, 248-258.

Florencio, M., **Lobo, J. M**. and **Bini, L.M.** (2019). Biases in global effects of exotic species on local invertebrates: a systematic review. *Biological Invasions, 21(10)*, 3043-3061.

Gonçalves, A.R., Chaves, L.J. and **Telles, M.P.C.** (2019). Genetic variability and effective population size in *Hymenaea stigonocarpa* (Fabaceae) germplasm collection: tools for breeding programs and genetic conservation. *Genetica*, *147(5-6):*359-368.

Gouveia, S.F., Bovo, R.P., Rubalcaba, J.G., Silva, F.R., **Maciel, N.M.**, Andrade, D.V. and **Martinez, P.A.** (2019). Biophysical Modeling of Water Economy Can Explain Geographic Gradient of Body Size in Anurans. *The American Naturalist, 193(1)*, 51-58.

Guimarães, R.A., Corrêa-Miranda, K.M., **Chaves, L.J.**, Naves, R.V., **Telles, M.P.C.** and **Soares, T.N.** (2019). Mating system and pollen dispersal in *Dipteryx alata* Vogel (Leguminosae): comparing in situ and ex situ conditions. *Tree Genetics & Genomes, 15(28)*.

Hidasi-Neto, J., Joner, D.C., **Resende, F.,** Monteiro, L.M., Faleiro, F.V., **Loyola, R.D.** and **Cianciaruso, M.V.** (2019). Climate change will drive mammal species loss and biotic homogenization in the Cerrado Biodiversity Hotspot. *Perspect. Ecol. Conserv., 17*, 57-63.

Iserhard, C.A., Duarte, L., Seraphim, N. and **Freitas, A.V.L.** (2019). How urbanization affects multiple dimensions of biodiversity in tropical butterfly assemblages. *Biodiversity and Conservation, 28*, 621-638.

Johansson, F., **Bini, L.M.**, Coiffard, P., Svanbäck, R., Wester, J. and **Heino, J.** (2019). Environmental variables drive differences in the beta diversity of dragonfly assemblages among urban stormwater ponds. *Ecological Indicators, 106,* 105529.

Li, G., **Figueiró**, H.V., **Eizirik, E.** and Murphy, W.J. (2019). Recombination-aware phylogenomics reveals the structured genomic landscape of hybridizing cat species. *Molecular Biology and Evolution, 36(10):*2111-2126.

Lopes, V.G., Branco, C.W.C., Kozlowsky-Suzuki, B. and **Bini, L.M.** (2019). Zooplankton temporal beta diversity along the longitudinal axis of a tropical reservoir. *Limnology, 20(1)*, 121-130.

Lourenço-de-Moraes, R., Lansac-Toha, F.M., Schwind, L.T.F., Arrieira, R.L., Rosa, R.R., **Terribile, L.C., Diniz-Filho, J. A. F, Rangel, T. F.**… Bailly, D. (2019). Climate change will decrease the range size of snake species under negligible protection in the Brazilian Atlantic Forest hotspot. *Scientific Reports, 9*, 8523.

Machado, K.B., Targueta, C.P., Antunes, A.M., Soares, T.N., **Telles, M.P.C., Vieira, L. G. C. ... Nabout, J.C.** (2019). Diversity patterns of planktonic microeukaryote communities in tropical floodplain lakes based on 18S rDNA gene sequences. *Journal of Plankton Research, 41*, 241-256.

Machado, K.B., Vieira, L.C.G. and **Nabout, J.C.** (2019). Predicting the dynamics of taxonomic and functional phytoplankton compositions in different global warming scenarios. *Hydrobiologia, 830,* 115-134.

Mäder, G., Backes, A., Reck-Kortmann, M., **Freitas, L.B**. Genetic diversity in *Calibrachoa pygmaea* (Solanaceae): A hawkmoth-pollinated nightshade from the Pampas. *Acta Bot. Bras. 33(4)*.

Meyer, L., Diniz-Filho, J.A.F., **Lohmann, L.G., Hortal, J., Barreto, E., Rangel, T.**, and Kissling, W.D. (2019). Canopy height explains species richness in the largest clade of Neotropical lianas. *Global Ecology and Biogeography, 00:*1-12.

Mondanaro, A., Di Febbraro, M., Melchionna, M., Carotenuto, F., Castiglione, S., Serio, C., … **Diniz-Filho, J.A.F.** and Raia, P. (2019). Additive effects of climate change and human hunting explain population decline and extinction in cave bears. *Boreas, 48,* 605-615.

Nakamura, G., Gonçalves, L.O. and **Duarte, L.S.** (2019). Revisiting the dimensionality of biological diversity. *Ecography, 00:*1-10.

Nunes, R., Gonçalves, A.R. and **Telles, M.P.C.** (2019). Data on the draft genome sequence of *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae): an important genetic resource from Brazilian savannas. *Data in Brief, 26,* 104543.

Olalla-Tárraga, M.Á., Amado, T.F., **Bini, L.M.**, **Martínez, P.A.,** Morales-Castilla, I., Torres-Romero, E.J. and **Villalobos, F.** (2019). Biological traits, phylogeny and human footprint signatures on the geographical range size of passerines (Order Passeriformes) worldwide. *Global Ecology and Biogeography, 28(8)*, 1183-1194.

Oliveira, H.R., Staggemeier, V.G., Faria, J.E.F., **Oliveira, G.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2019). Geographical ecology and conservation of *Eugenia* L. (Myrtaceae) in the Brazilian Cerrado: Past, present and future. *Austral Ecology, 44*: 95-104.

Oliveira, R.F., **de Morais, A.R.** and **Terribile, L.C.** (2019). Medium- and large-sized mammals in forest remnants of the southern Cerrado: diversity and ecology. *Neotropical Biology and Conservation 14(1):* 29-42.

Ortega, J.C., Machado, N., **Diniz-Filho, J.A.F.**, **Rangel, T.F.**, **Araújo, M.B., Loyola, R**. and **Bini, L.M.** (2019). Meta-analyzing the likely cross-species responses to climate change. *Ecology and Evolution, 9(19)*, 11136-11144.

Ovando, X.M.C., Miranda, M.J., **Loyola, R.**, Cuezzo, M.G. (2019). Identifying priority areas for invertebrate conservation using land snails as models. *J. Nat. Conserv., 50*, 125707.

Parreira, M.R., **Nabout, J.C.**, Tessarolo, G., **Lima-Ribeiro, M.S.** and **Teresa, F.B**. (2019). Disentangling uncertainties from niche modeling in freshwater ecosystems. *Ecological Modelling, 391,* 1-8.

Prevedello J.A, **Winck G.R**, Weber M.M, Nichols E., Sinervo, B. (2019) Impacts of forestation and deforestation on local temperature across the globe. *PLoS One,* 14(3): e0213368

Ramalho, W. P., Jorge, R. F., Guimaraes, T. V. C., Pires, R. A. P., Pena, A. P., e Guerra, V. 2019. Structure and regional representativeness of the herpetofauna from Parque Estadual da Serra de Caldas Novas, Cerrado, Central Brazil. *Neotropical Biodiversity* 5: 10-21.

Resende, F.M., Cimon-morin, J., Poulin, M., Meyer, L. and **Loyola, R.** (2019). Consequences of delaying actions for safeguarding ecosystem services in the Brazilian Cerrado. *Biol. Conserv., 234,* 90-99.

Rocha, M.P., **Bini, L.M.**, Grönroos, M., Hjort, J., Lindholm, M., Karjalainen, S.M., ... and Heino, J. (2019). Correlates of different facets and components of beta diversity in stream organisms. *Oecologia, 191(4)*, 919-929.

Rodrigues, J.F.M., Sobral, F.L., Iverson, J.B. and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2019). Phylogenetic and spatial analyses suggest minimum temperature as an environmental filter for turtle communities. *Journal of Biogeography, 46,* 1-9.

Rodrigues, J.F.M., Villalobos, F., Iverson, J.B., and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2019). Climatic niche evolution in turtles is characterized by phylogenetic conservatism for both aquatic and terrestrial species. *Journal of Evolutionary Biology*, *32*:66-75.

Sales, L.P., Ribeiro, B.R., Pires, M.M., Chapman, C.A. and **Loyola, R.** (2019). Recalculating route: dispersal constraints will drive the redistribution of Amazon primates in the Anthropocene. *Ecography, 42*, 1789-1801.

Saremi, N.F., Supple, M.A., Byrne, A., Cahill, J.A., Coutinho, L.L., Dalén, L., …, **Eizirik, E.**, *et al.* (2019). Puma genomes from North and South America provide insights into the genomic consequences of inbreeding. *Nature Communications, 10(1),* 4769.

Serbin, G.M., Machado, R.M., Pinto, R.B., **Diniz-Filho, J.A.F.**, Tozzi, A.M.G.A., Forni-Martins, E. R. and **Mansano, V.F.** (2019). Karyological traits related to phylogenetic signal and environmental conditions within the Hymenaea clade (Leguminosae, Detarioideae). *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics, 39*, 125462.

Souza, K.S., Jardim, L., Rodrigues, F.M, Batista, M.C.G., **Rangel, T.F.**, Gouveia, S., **Terribile, L.C.**, **Lima-Ribeiro, M.S.**, **Fortunato, D.S.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2019). How likely are adaptive responses to mitigate the threats of climate change for amphibians globally? *Frontiers of Biogeography, 11.3*, e43511.

Souza, U.J.B., **Nunes, R., Targueta, C.P.,** **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Telles, M.P.C.** (2019). The complete chloroplast genome of *Stryphnodendron adstringens* (Leguminosae - Caesalpinioideae): comparative analysis with related Mimosoid species. *Scientific Reports 9(1)*, 14206-14216.

Staggemeier, V.G., Camargo, M.G.G., **Diniz-Filho, J.A.F.**, Freckleton, R., **Jardim, L.** and **Morellato, L.P.C.** (2019). The circular nature of recurrent life-cycle events: a test comparing tropical and temperate phenology. *Journal of Ecology, 108*, 393-404.

Urbina-Cardona, N., Blair, M.E., Londoño, M.C., **Loyola, R.**, Velásquez-Tibatá, J. and Morales-Devia, H. (2019). Species Distribution Modeling in Latin America: A 25-Year Retrospective Review. *Tropical Conservation Science, 12,* 194008291985405.

Valencia-Zuleta, A., **Guerra, V.,** Carvalho, M. A. G., Costa, N. Q., Faria, D. C. C., **Bastos, R. P., Maciel, N. M.** 2019. Vocalizations of *Rhinella sebbeni* Vaz-Silva, Maciel, Bastos, and Pombal, 2015 (Anura: Bufonidae). *Bioacoustics*, v. 28, p. 1-13.

Vieira, R.R.S., Pressey, R.L. and **Loyola, R.** (2019). The residual nature of protected areas in Brazil. *Biological Conservation, 233,* 152-161.

Zacarias, D. and **Loyola, R.** Climate change impacts on the distribution of venomous snakes and snakebite risk in Mozambique. *Climatic Change, 152,* 195-207.

2020

Alves, D.M.C.C., Eduardo, A.A., Silva-Oliveira**, E.V., Villalobos, F.**, **Dobrovolski, R.**, Pereira, T. C., … **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Gouveia, S. F**. (2020). Unveiling geographical gradients of species richness from scant occurrence data. *Global Ecology and Biogeography, 29(4),* 748-759.

Antunes, A.M., Targueta, C.P., Castro, A.A., Souza, G., **Soares, T.N.** and **Telles, M.P.C.** (2020). Genome size and chromosome number of *Dipteryx alata* (Leguminosae): a model candidate for comparative genomics in Papilionoideae. *Genetics and Molecular Research, 19(3)*: GMR18640.

Antunes, A.M., Nunes, R., **Novaes, E.**, **Coelho, A.S.G.**, **Soares, T.N.** and **Telles, M.P.C.** (2020). Large number of repetitive elements in the draft genome assembly of *Dipteryx alata* (Fabaceae). *Genet. Mol. Res. 19(2)*: GMR18463.

Antunes, A.M., **Soares, T.N.**, **Targueta, C.P.**, **Novaes, E., Coelho, A.S.G.** and **Telles, M.P.C.** (2020). The chloroplast genome sequence of *Dipteryx alata* Vog. (Fabaceae: Papilionoideae): genomic features and comparative analysis with other legume genomes. *Braz. J. Bot., 43*, 271–282.

Barnett, R., Westbury, M. V., Sandoval-Velasco, M., Vieira, F. G., Jeon, S., Zazula, G., … **Eizirik, E.**, ... *et al*. (2020). Genomic Adaptations and Evolutionary History of the Extinct Scimitar-Toothed Cat, *Homotherium latidens*. *Current Biology, 30(24)*, 5018-5025.e5.

Barros, M.J.F, Silva-Arias, G.A., Segatto, A.L.A., Reck-Kortmann, M., Fregonezi, J.N., **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Freitas, L.B**. (2020). Phylogenetic niche conservatism and plant diversification in South American subtropical grasslands along multiple climatic dimensions. *Genet. Mol. Biol., 43(2)*, e20180291.

Bolochio, B.E., Lescano, J.N., Cordier, J.M., **Loyola, R.** and Nori, J. (2020). A functional perspective for global amphibian conservation. *Biol. Conserv.*, *245*, 108572.

Borges, F.J.A. and **Loyola, R.** (2020). Climate and land-use change refugia for Brazilian Cerrado birds. Perspect. *Ecol. Conserv.*, *18*, 109-115.

Borges, P.P., Dias, M.S., Carvalho, F.R., Casatti, L., Pompeu, P.S., Cetra, M., Tejerina-Garro, F.L., Súarez, Y.R., **Nabout, J.C.** and **Teresa, F.B.** (2020). Stream fish metacommunity organisation across a Neotropical ecoregion: The role of environment, anthropogenic impact and dispersal-based processes. *PLoS One, 15(5)*, e0233733.

Carlucci, M., Brancalion, P.H.S., Rodrigues, R.R., **Loyola, R.** and **Cianciaruso, M.V.** (2020). Functional traits and ecosystem services in ecological restoration. *Restoration Ecology, 28*, 1372-1383.

Castro, A.A., **Targueta, C.P.,** Batista, V.G. and **Telles, M.P.C.** (2020). Isolation and development of microsatellite markers for *Ololygon centralis* (Pombal and Bastos, 1996) (Anura: Hylidae). *Genetics And Molecular Research, 19*, 18528-18528.

Ceccarelli, S., Justi, S.A., Rabinovich, J.E., **Diniz-Filho, J.A.F.**, and **Villalobos, F.** (2020). Phylogenetic structure of geographical co-occurrence among New World Triatominae species, vectors of Chagas disease. *Journal of Biogeography, 47,* 1218-1231.

Coelho, M.T.P., **Rodrigues, J.F.M., Medina, A.M.,** Scalco, P., **Terribile, L.C., Vilela, B., Diniz-Filho, J.A.F.** and **Dobrovolski, R.** (2020). Global expansion of COVID-19 pandemic is driven by population size and airport connections. *PeerJ* 8: e9708.

Collevatti, R.G., Vitorino, L.C., Vieira, T.B., Oprea, M. and **Telles, M.P.C.** (2020). Landscape changes decrease genetic diversity in the Pallas' long-tongued bat. *Perspectives in Ecology and Conservation, 18*, 169-177.

Cordier, J.M., **Loyola, R.**, Rojas-Soto, O. and Nori, J. (2020). Modeling invasive species risk from established populations: Insights for management and conservation. *Perspect. Ecol. Conserv. 18*, 132-138.

Corrêa-Miranda, K.M., Guimarães, R.A., Silva, M.J., Oliveira, P.R.O., Ribeiro, T.G., Mendes, T.P., **Telles, M.P.C.** and **Soares, T.N.** (2020). Cross-amplification and characterization of microsatellite markers in species of *Manihot* Mill. (Euphorbiaceae) endemic to the Brazilian Cerrado. *Acta Botanica Brasilica*, *34(4),* 772-777.

Correia, I., Nascimento, E.R. and **Gouveia, S.F**. (2020). Effects of climate and land-use gradients on avian phylogenetic and functional diversity in a tropical dry forest. *Journal of Arid Environments*, *173*, 104024.

Dala-Corte, R.B., **Melo, A.S., Siqueira, T., Bini, L.M.,** Martins, R.T., Cunico, A.M., … **Roque, F.O**. (2020). Thresholds of freshwater biodiversity in response to riparian vegetation loss in the Neotropical region. *Journal of Applied Ecology, 57(7),* 1391-1402.

De Manuel, M., Barnett, R., Sandoval-Velasco, M., Yamaguchi, N., Garrett Vieira, F., Zepeda Mendoza, M. L., … **Eizirik, E.**, ... *et al*. (2020). The evolutionary history of extinct and living lions. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 117(20), 10927-10934.*

Dias, M.S., Faria, I.F., Guarido, P.C.P., **Teresa, F.B**., Aquino, P.D.P.U. and Quimbayo, J.P. (2020). Historical distribution and current drivers of guppy occurrence in Brazil. *Journal of Fish Biology*, 877-885.

Diniz-Filho, J.A.F., **Barbosa, A.C.O.F, Chaves, L.J., Souza, K.S., Dobrovolski, R.**, Rattis, L., **Terribile, L.C.**, **Lima-Ribeiro, M.S.**, Oliveira, G., **Brum, F.T**., **Loyola, R.** and **Telles, M.P.C.** (2020). Overcoming the worst of both worlds: integrating climate change and habitat loss into spatial conservation planning of genetic diversity in the Brazilian Cerrado. *Biodivers. Conserv., 29*, 1555-1570.

Dobson, A.P., Pimm, S.L., Hannah, L., Kaufman, L., Ahumada, J.A., Ando, A.W., … **Vale, M.M.** (2020). Ecology and economics for pandemic prevention. *Science, 369(6502)*, 379-381.

Gonçalves, A.R., Barateli, L.O., **Souza, U.J.B., Bertoni, B, Pereira, A.M.S., Diniz-Filho, J. A. F.**... and **Telles, M.P.C.** (2020). Development and characterization of microsatellite markers in *Stryphnodendron adstringens* (Leguminosae). *Physiol Mol Biol Plants*, 26, 2095-2101.

Gonçalves, T.V., Gomes, M.A.A. and **Nabout, J.C.** (2020). The historical geography, bioclimatic, and informetric conditions of protected areas in the Brazilian Cerrado. *Journal for Nature Conservation*, *58*, 125905.

Gouveia, S.F., Rubalcaba, J.G., Soukhovolsky, V., Tarasova, O., Barbosa, A.M. and Real, R. (2020). Ecophysics reload-exploring applications of theoretical physics in macroecology. *Ecological Modelling, 424,* 109032.

Guerra, V., de Queiroz Costa, N., **Llusia, D., Márquez, R. and Bastos, R.P.** (2020). Nightly patterns of calling activity in anuran assemblages of the Cerrado, Brazil. *Community Ecology, 21*, 33-42.

Guerra, V., Jardim, L., Llusia, D., Márquez, R. and Bastos, R.P. (2020). Knowledge status and trends in description of amphibian species in Brazil. *Ecological Indicators, 118,* 106754.

Guerra, V., Oda, F.H., Costa, N.Q., **Maciel, N.M. and Bastos, R.P**. (2020). Relationship between body size and release call parameters in *Rhinella* species (Anura: Bufonidae), with the description of the release call of *Rhinella ocellata* (Günther, 1858). *Herpetology Notes, 13*: 191-197.

Johansson, F., **Heino, J.,** Coiffard, P., Svanbäck, R., Wester, J. and **Bini, L.M.** (2020). Can information from citizen science data be used to predict biodiversity in stormwater ponds? *Scientific reports, 10(1)*, 1-10.

Lemes, L., Andrade, A.F.A. and **Loyola, R.** (2020). Spatial priorities for agricultural development in the Brazilian Cerrado: may economy and conservation coexist? *Biodivers. Conserv.*, *29*, 1683-1700.

Liévano-Latorre, L.F., Silva, R.A., Vieira, R.R.S., **Resende, F.M**., Ribeiro, B.R., Borges, F.J.A., Sales, L. and **Loyola, R.** (2020). Pervasive gender bias in editorial boards of biodiversity conservation journals. *Biol. Conserv.*, *251*, 108767.

Machado, K.B., Antunes, A.M., Targueta, C.P., Fernandes, J.G., **Soares, T.N.** and **Nabout, J.C.** (2020). DNA metabarcoding reveals the responses of prokaryotes and eukaryotes microbiota to warming: Are the patterns similar between taxonomic and trophic groups? *Ecological Indicators, 115,* 106452.

Maestri, R. and **Duarte, L.D.S**. (2020). Evoregions: mapping shifts in phylogenetic turnover across biogeographic regions. *Methods in Ecology and Evolution*, *11*, 1652-1662.

Melo, A.A., Kalapothakis, E., Ludwig, S., Baptista, L.A.M.L., Lara, M.P., Silva, L.C.F. and **Telles, M.P.C.** (2020) New set of microsatellite markers for the Great-billed Seed-finch (*Sporophila maximiliani* - Passeriformes: Thraupidae): tools for inspection and conservation. *Molecular Biology Reports. 47,* 2997-3002.

Meyer, L., Kissling, W. D., **Lohmann, L. G**., **Hortal, J.** and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2020). Deconstructing species richness-environment relationships in Neotropical lianas. *Journal of Biogeography*, *47*, 2168-2180.

Monteiro, L.M., **Brum, F.T**., Pressey, R.L., **Morellato, L.P.C**., Soares-Filho, B., Lima-Ribeiro, M.S. and **Loyola, R.** (2020). Evaluating the impact of future actions in minimizing vegetation loss from land conversion in the Brazilian Cerrado under climate change. *Biodivers. Conserv.*, *29*, 1701-1722.

Morales-Barbero, J., **Gouveia, S.F. and Martinez, P.A**. (2020). Historical climatic instability predicts the inverse latitudinal pattern in speciation rate of modern mammalian biota. *Journal of Evolutionary Biology, 34(2)*, 339-351.

Nakamura, G., Vicentin, W., Súarez, Y.R. and **Duarte, L.** (2020). A multifaceted approach to analyzing taxonomic, functional, and phylogenetic β diversity. *Ecology,* e03122.

Nori, J., **Loyola, R.** and **Villalobos, F.** (2020). Priority areas for conservation of and research focused on terrestrial vertebrates. *Conserv. Biol. 34*, 1281-1291.

Nunes, R., de Bem-Oliveira, I., Araújo-Dias, P., Bidinotto, A.B. and **Telles, M.P.C.** (2020). BarcodingGO: A problem-based approach to teach concepts related to environmental-DNA and bioinformatics. *Biochemistry and Molecular Biology Education, 49(2),* 210-215.

Nunes, R., Lima, N.E., Pinto, R.B., de Bem-Oliveira, I. and **Telles, M.P.C.** (2020). Caryocaraceae Voigt (Malpighiales): a Synthesis Based on Science Mapping and Systematic Review. *The Bot. Rev. 86*, 338-358.

Nunes, R., Souza, U.J.B., Targueta, C.P., Pinto, R.B., **Soares, T.N.**, **Diniz-Filho, J.A.F.** and **Telles, M.P.C.** (2020). Complete chloroplast genome sequence of *Caryocar brasiliense* Camb. (Caryocaraceae) and comparative analysis brings new insights into the plastome evolution of Malpighiales. *Genetics and Molecular Biology, 43(2),* 1-7.

Oliveira, F.J.M., **Lima-Junior, D.P**. and **Bini, L.M.** (2020). Current environmental conditions are weak predictors of fish community structure compared to community structure of the previous year. *Aquatic Ecology, 54(3)*, 729-740.

Oliveira, P.H.F., **Machado, K.B**., **Teresa, F.B.**, **Heino, J.** and **Nabout, J.C.** (2020). Spatial processes determine planktonic diatom metacommunity structure of headwater streams. *Limnologica, 84*, 125813.

Oliveira, R.F., Morais, A.R. and **Terribile, L.C.** (2020). Effects of landscape and patch attributes on the functional diversity of medium and large-sized mammals in the Brazilian Cerrado. *Mamm Res, 65*, 301-308.

Oliveira-Jr, S.S., Ortega, J.C.G**., Ribas, L.G.S., Lopes, V.G. and Bini, L.M.** (2020). Higher taxa are sufficient to represent biodiversity patterns. *Ecological Indicators, 111,* 105994.

Paula-Souza, L.B. and **Diniz-Filho, J.A.F.** (2020). Variance partitioning and spatial eigenvector analyses with large macroecological datasets. *Frontiers of Biogeography, 12(4)*, e47295.

Pessoa, A.M., **Nunes, R., Telles, M.P.C.**, Nishitsuji, K., Hisata, K., Aird, S.D., Mikheyev, A.S. and Silva-Jr., N.J. (2020). The complete mitochondrial genome of the aquatic coralsnake *Micrurus surinamensis* (Reptilia, Serpentes, Elapidae). *Mitochondrial DNA Part B-Resources, 5*, 233-235.

Petsch, D.K., **Ribas, L.G**., Mantovano, T. ... **Thomaz, S. M**. (2020). Invasive potential of golden and zebra mussels in present and future climatic scenarios in the new world. *Hydrobiologia,* 848: 2319–2330.

Plazas-Jimenez, D. and **Cianciaruso, M.V.** (2020). Valuing Ecosystem Services Can Help to Save Seabirds. *Trends in Ecology & Evolution, 35*, 757-762.

Raia, P., Mondanaro, A., Melchionna, M., Di Febbraro, M., **Diniz-Filho, J.A.F.**, **Rangel, T.F.**, **Lima-Ribeiro, M. S.**… Rook, L. (2020). Past Extinctions of Homo Species Coincided with Increased Vulnerability to Climatic Change. *One Earth, 3,* 480-490.

Ribas, L.G.S., Pressey, R.L., **Loyola, R.** and **Bini, L.M.** (2020). A global comparative analysis of impact evaluation methods in estimating the effectiveness of protected areas. *Biol. Conserv., 246*, 108595.

Ribeiro, K.F., Ferrero, A.P., **Duarte, L.,** Turchetto-Zolet, A.C. and Crossetti, L.O. (2020). Comparative phylogeography of two free living cosmopolitan cyanobacteria: Insights on biogeographic and latitudinal distribution. *Journal of Biogeography, 47*, 1106-1118.

Rocha, B.S., Souza, C.A., **Machado, K.B**., **Vieira, L.C.G.** and **Nabout, J.C.** (2020). The relative influence of the environment, land use, and space on the functional and taxonomic structures of phytoplankton and zooplankton metacommunities in tropical reservoirs. *Freshwater Science, 39(2)*, 321–333.

Saito, V.S., **Siqueira, T., Bini, L.M.**, Costa-Pereira, R., Santos, E.P. and Pavoine, S. (2020). Comparing taxon-and trait-environment relationships in stream communities. *Ecological Indicators, 117*, 106625.

Sales, L., Ribeiro, B.R., Chapman, C.A. and **Loyola, R.** (2020). Multiple dimensions of climate change on the distribution of Amazon primates. *Perspect. Ecol. Conserv., 18*, 83-90.

Santos, A.M.C., Cianciaruso, M.V., Barbosa, A.M., **Bini, L.M.**, **Diniz-Filho, J.A.F.**, **Faleiro, F.V., …Loyola, R.D., Hortal, J.** (2020). Current climate, but also long-term climate changes and human impacts, determine the geographic distribution of European mammal diversity. *Global Ecology and Biogeography, 29*, 1758-1769.

Siqueira, T., Saito, V.S., **Bini, L.M.**, **Melo, A.S.,** Petsch, D.K., **Landeiro, V.L., … Heino, J.** (2020). Community size can affect the signals of ecological drift and niche selection on biodiversity. *Ecology, 101(6),* e03014.

Sobreiro, M.B., Vieira, L.D., **Nunes, R., Novaes, E**., Coissac, E., Silva-Junior, O.B., Grattapaglia, D. and **Collevatti, R.G.** (2020). Chloroplast genome assembly of *Handroanthus impetiginosus*: comparative analysis and molecular evolution in Bignoniaceae. *Planta, 252(5):91*.

Thom, G., Smith, B.T., Gehara, M., Montesanti, J., **Lima-Ribeiro, M.S.**, Piacentini, V.Q., … Amaral, F.R. (2020). Climatic dynamics and topography control genetic variation in Atlantic Forest montane birds. *Molecular Phylogenetics and Evolution, 148*, 106812.

Trigueiro, W.R., **Nabout, J.C.** and Tessarolo, G. (2020). Uncovering the spatial variability of recent deforestation drivers in the Brazilian Cerrado. *Journal of Environmental Management*, *275*, 111243.

Velasco, J.A., **Villalobos, F., Diniz-Filho, J.A.F.**, Poe, S. and Flores-Villela, O. (2020). Macroecology and macroevolution of body size in *Anolis* lizards. *Ecography, 43(6)*, 812–822.

Vianna, J.A., Fernandes, F.A.N., Frugone, M.J., **Figueiró, H.V**., Pertierra, L.R., Noll, D., … **Eizirik, E.**, Nery, M.F. and Bowie, R.C.K. (2020). Genome-wide analyses reveal drivers of penguin diversification. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 117(36),* 22303–22310.

Vilar, C.C., Magris, R.A., **Loyola, R.** and Joyeux, J. (2020). Strengthening the synergies among global biodiversity targets to reconcile conservation and socio-economic demands. *Aquat. Conserv. Mar. Freshw. Ecosyst., 30*, 497-513.

2021

Abreu-Jardim, T.P.F., **Jardim, L.**, Ballesteros-Mejia, L., **Maciel, N.M**. and **Collevatti, R.G.** (2021). Predicting impacts of global climatic change on genetic and phylogeographical diversity of a Neotropical treefrog. *Diversity and Distributions, 27(8)*, 1519–1535.

Almeida, T.C., Tessarolo, G., **Nabout, J.C.** and **Teresa, F.B.** (2021). Non-stationary drivers on fish sampling efforts in Brazilian freshwaters. *Diversity and Distributions, 27(7)*, 1224–1234.

Amaral, F.R., Thom, G., **Lima-Ribeiro, M. S.**, Alvarado-Serrano, D.F., Montesanti, J.A.C., Pellegrino, K.C.M., Maldonado-Coelho, M. (2021). Rugged relief and climate promote isolation and divergence between two neotropical cold-associated birds. *Evolution 75, 2371-2387*,

Andrade, M.A., Oliveira, D., Mazzochini, G.G., Amado, TF., **Gouveia, S.F. and Martinez, P.A**. (2021). Drivers of intraspecific lethal aggression in mammals. *Journal of Biogeography, 48(10)*, 2445–2454.

Baggio, R., Overbeck, G.E., Durigan, G. and Pillar, V.D. (2021). To graze or not to graze: A core question for conservation and sustainable use of grassy ecosystems in Brazil. *Perspectives in Ecology and Conservation, 19(3)*, 256–266.

Barreto, E., **Rangel, T. F**., Coelho, M. T. P**., Cassemiro, F. A. S**., Zimmermann, N. E., and Graham, C. H. (2021). Spatial variation in direct and indirect effects of climate and productivity on species richness of terrestrial tetrapods. *Global Ecology and Biogeography,* 30: 1899– 1908

Bergamin, R.S., Seger, G.D.S., **Carlucci, M.B.,** Molz, M., Mello, R.S.P., Martins, R., Jarenkow, J. A., Brack, P., **Müller, S.C., Duarte, L**. (2021). Elevational shifts in phylogenetic diversity of angiosperm trees across the subtropical Brazilian Atlantic Forest. *Austral Ecology, 46*, 486-495.

Bernardes, V., Murakami, D.M., Bizão, N., Souza, T.N., Silva, M.J. and **Telles, M.P.C.** (2021). Transferability and characterization of microsatellite markers from *Byrsonima cydoniifolia* A. Juss. (MALPIGHIACEAE) in seven related taxa from Cerrado biome reveal genetic relationships. *Molecular Biology Reports, 48(5)*, 4039–4046.

Boaventura, C. R. D. et al. (**Telles, M. P. C, Chaves, L. J**.). (2021). Genetic variability of the initial growth of Eugenia dysenterica DC.: implications for conservation and breeding1. *Pesquisa Agropecuaria Tropical (Online)*, 51, e68756

Bordin, K.M., Esquivel-Muelbert, A**., Bergamin, R.S**., Klipel, J., Picolotto, R.C., Frangipani, M.A., Zanini, K. J., **Cianciaruso, M.V.**, Jarenkow, J.A., Jurinitz, C.F., Molz, M., Higuchi, P., Silva, A.C.D. and **Müller, S.C.** (2021). Climate and large-sized trees, but not diversity, drive above-ground biomass in subtropical forests. *Forest Ecology and Management, 490*, 119126.

Borges, F.J.A. and **Loyola, R.** (2021). Searching for synthetic mechanisms on how biological traits mediate species responses to climate change. *Biota Neotropica v. 21(3)*, e20211204.

Caetano, V., Camana, M., **Dala-Corte**, R.B. and **Melo, A.S**. (2021). Scale-sensitive stream slope drives nested fish trait-based diversity. *Aquat Ecol, 55,* 1051–1063.

Cássia-Silva, C., Freitas, C.G., **Jardim, L.,** Bacon, C.D. and **Collevatti, R.G.** (2021). *In situ* radiation explains the frequency of dioecious palms on islands. *Annals of Botany*, *128(2)*, 205-215.

Castro, K. M. S. A., Amado, T. F., **Olalla-Tárraga, M., Gouveia, S. F., Navas, C. A., and Martinez, P. A.** (2021). Water constraints drive allometric patterns in the body shape of tree frogs. *Scientific Reports*, *11*, 1–8. https://doi.org/10.1038/s41598-020-80456-1

Castro, R.S., **Gonçalves, A.R.**, **Braga-Ferreira, R.S.**, **Telles, M.P.C.** and **Chaves, L.J.** (2021). Phenotypic variability of fruits and seeds in natural populations of Hymenaea stigonocarpa (Mart. Ex Hayne). *Pesqui. Agropecu. Trop., 51*, 1-9.

Castro-Santana, M.L., Carvalho, F.R. and **Teresa, F.B.** (2021). Broad and fine-scale threats on threatened Brazilian freshwater fish: variability across hydrographic regions and taxonomic groups. *Biota Neotropica, 21(2)*, e20200980.

Cordier, J. M., Aguilar, R., Bonino, A., Lescano, J.N., Leynaud, G.C., **Loyola, R.,** and Nori, J. (2021). A global assessment of amphibian and reptile responses to land-use changes. *Biol Conserv*, *253*, 108863.

Dijk, A., **Nakamura, G.,** Rodrigues, A.V., Maestri R. and **Duarte, L.D.S**. (2021). Imprints of tropical niche conservatism and historical dispersal in the radiation of Tyrannidae (Aves: Passeriformes). *Biological Journal of The Linnean Society, 134(1)*, 57-67.

Diniz, M.F., Coelho, M.T.P., Sousa, F.G., Hasui, É. and **Loyola, R.** (2021). The underestimated role of small fragments for carnivore dispersal in the Atlantic Forest. *Perspectives in Ecology and Conservation, 19(1)*, 81–89.

Diniz-Filho, J.A.F., **Santos, A.M.C.**, **Barreto, E.**, Naves, F., Santos, W., **Souza, K.S.**, **Dobrovolski, R. Tidon, R., Soares, TS … Jardim, L.** (2021). Quantitative genetics of extreme insular dwarfing: The case of red deer on Jersey. *Journal of Biogeography, 48(7)*, 1720–1730.

Diniz-Filho, J.A.F., Meiri, S., **Hortal, J., Santos, A.M.C. and Raia, P.** (2021). Too simple models may predict the island rule for the wrong reasons. *Ecology Letters, 24*, 2521-2523.

Dionízio, S.R.D., Lima, V.F.M., Melo, A., Carvalho, L.R., **Braga-Ferreira, R.S.**, Silva, L.C.F., Lara, M.P. and **Telles, M.P.C.** (2021). Desvendando a paternidade múltipla em ninhos de tartarugas. *Genética na Escola (online), 16*, p. 240-257.

Doria, T. A. F. and **Dobrovolski, R**. (2021). Improving post-2020 conservation of terrestrial vertebrates in Caatinga. *Biol. Conserv., 253*, 108894.

Ferreira, M. N. et al. (**Vale, M.M**) 2021. Drivers and causes of zoonotic diseases: an overview. PARKS 27: 15-24.

Ferreira, M. N., Elliott, W., Kroner, R. G., Kinnaird, M. F., Prist, P. R., Valdujo, P., and **Vale, M.** M. (2021). Drivers and causes of zoonotic diseases: an overview. *Parks, 27,* 15-24.

Figueiredo, V.V., Cunha, N.L., Morais, A.R., **Terribile, L.C.** and **Hannibal, W.** (2021). The importance of sampling methods and landscape variation on explaining small mammal communities in a Neotropical ecotone region. *Mammal Research, 66*, 301-312.

Freitas-Oliveira, R., **Hannibal, W.**, **Lima-Ribeiro, M.S.** and **Terribile, L.C.** (2021). Implications of climate change for the distribution of the water opossum (*Chironectes minimus*): habitat loss and conservation opportunities. *Mammalian Biology volume 101*, 729–737.

Fulgêncio-Lima, L.G., Andrade, A.F.A., **Vilela, B., Lima-Júnior, D.P.,** Souza, R.A., Sgarbi, L.F., … de **Marco-Jr., P.** *et al*. (2021). Invasive plants in Brazil: climate change effects and detection of suitable areas within conservation units. *Biological Invasions, 23(5)*, 1577–1594.

Gonçalves, T.V., Parreira, M.R. and **Nabout, J.C.** (2021). Brazilian protected areas that are larger, older, and closer to urban areas are more studied by scientists. *Biological Conservation, 257,* 109123.

Gonçalves-Souza, D., **Vilela, B.,** Phalan, B. and **Dobrovolsi, R**. (2021). The role of protected areas in maintaining natural vegetation in Brazil. *Science Advances 7* (38): eabh2932 1

Granzotti, R.V., **Cassemiro, F.A.,** Agostinho, A.A. and **Bini, L.M.** (2021). Rescue effect drives local persistence of fish species in the Upper Paraná River floodplain. *Freshwater Biology, 66(5)*, 914-925.

Jardim, L., Bini, L.M., Diniz-Filho, J.A.F. and Villalobos, F. (2021). A Cautionary Note on Phylogenetic Signal Estimation from Imputed Databases. *Evolutionary Biology, 48(2)*, 246-258.

Kantek, D.L.Z., Trinca, C.S., Tortato, F., Devlin, A.L., Azevedo, F.C.C., Cavalcanti, S., … **Eizirik, E.** (2021). Jaguars from the Brazilian Pantanal: Low genetic structure, male-biased dispersal, and implications for long-term conservation. *Biological Conservation, 259,* 109153.

Liévano-Latorre, L.F., **Brum, F.T.** and **Loyola, R.** (2021). How effective have been guerrilla occupation and protected areas in avoiding deforestation in Colombia? *Biol. Conserv., 253*, 108916.

Lodi, S., Godoy, B.S., Ortega, J.C. and **Bini, L.M.** (2021). Quality of meta-analyses in freshwater ecology: A systematic review. *Freshwater Biology, 66(5)*, 803-814.

Lopes, F., Oliveira, L. R., **Kessler, A**., Beux, Y., Crespo, E., Majluf, P., Sepúlveda, M., Brownell, R. L., Chaves, J., Loch, C., Robertson, B. C., R, F., Kirkman, S. P., Peart, C. R., Wolf, J. B., & **Bonatto, S. L**. (2021). Phylogenomic Discordance in the Eared Seals is best explained by Incomplete Lineage Sorting following Explosive Radiation in the Southern Hemisphere. Systematic Biology, 70(4), 786-802. https://doi.org/10.1093/sysbio/syaa099

Machado, A.F., Ritter, C.D., Miranda, C.L., Bredin, Y.K., Ramos Pereira, M.J. and **Duarte, L.** (2021). Potential mammalian species for investigating the past connections between Amazonia and the Atlantic Forest. *Plos One, 16*, e0250016.

Manes, S., Costello, M. J., Beckett, H., Debnath, A., Devenish-Nelson, E., Grey, K. A., ... **and Vale, M. M.** (2021). Endemism increases species' climate change risk in areas of global biodiversity importance. *Biol. Conserv.257*, 109070.

Melo, A.A., **Nunes, R.** and **Telles, M.P.C.** (2021) Same information, new applications: revisiting primers for the avian COI gene and improving DNA barcoding identification. *Org Divers Evol, 21*, 599–614.

Melo, I., **Ilusia, D., Bastos, R.P**. & Signorelli, L. 2021. Active or passive acoustic monitoring? Assessing methods to track anuran communities in tropical savanna wetlands, Ecological Indicators 132: 108305,

Nakamura, G., Richter, A. and Soares, B.E. (2021). FishPhyloMaker: An R package to generate phylogenies for ray-finned fishes. *Ecological Informatics. 66*, 101481. https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101481.

Nakamura, G., Vicentin, W. and Súarez, Y.R. (2021). Taxonomic and phylogenetic beta diversity in headwater stream fish communities of the Paraná and Paraguai River basins. *Neotrop. Ichthyol. 19*, 1-17.

Navas, C.A., Gouveia, S.F., Solano-Iguarán, J.J., Vidal, M.A. and Bacigalupe, L.D. (2021). Amphibian responses in experimental thermal gradients: Concepts and limits for inference. *Comparative Biochemistry and Physiology Part B, 254*, 110576.

Nunes, R., Diniz-Filho, J. A. F., Telles, M.P.C. (2021). Evolução em ação: lições de uma pandemia. *Genética na Escola 16*, 368–379.

Oliveira, E.V.S., **Alves, D.M.C.,** Landim, M.F. and **Gouveia, S.F.** (2021). Sampling effort and the drivers of plant species richness in the Brazilian coastal regions. *Oecologia, 195(1),* 163-171.

Pelicice, F.M., Agostinho, A.A., Akama, A., Andrade-Filho, J.D., Azevedo-Santos, V.M., Barbosa, M.V.M., **Bini, L.M, Vieira, L. C. G, Telles, M.P.C., Nabout, J. C, De Marco P, Diniz-Filho, Loyola RD**… **Telles, M.P.C.** *et al.* (2021). Large-scale Degradation of the Tocantins-Araguaia River Basin. *Environmental Management, 68(4)*, 445–452.

Pessoa, A.M., **Telles, M.P.C.**, **Targueta, C.P.,** Aird, S.D. and **Silva-Jr., N.J.** (2021). Development and Cross-Amplification of Microsatellite Markers for *Micrurus surinamensis* (Elapidae). *Journal of Herpetology, 55*, p. 33-37.

Pie, M.R., Divieso, R. & Caron, F.S (2021). The evolution of climatic niche breadth in terrestrial vertebrates. *J Zool Syst Evol Res*. DOI: 10.1111/jzs.12508

Pie, M.R., Divieso, R. & Caron, F.S. (2021). Do Geographic Range Sizes Evolve Faster in Endotherms?. *Evol Biol* . DOI: 10.1007/s11692-021-09537-x

Pie, M.R., Divieso, R., Caron, F.S., Siqueira, A.C., Barneche, D.R. and Luiz, O.J. (2021). The evolution of latitudinal ranges in reef-associated fishes: Heritability, limits and inverse Rapoport's rule. *J Biogeogr.* DOI: 10.1111/jbi.14150

Ramalho, Q., Tourinho, L. Almeida-Gomes, M., **Vale, M.M**. and Prevedello J.A. (2021). Reforestation can compensate negative effects of climate change on amphibians. *Biological Conservation, 260*, 109187.

Resende, F.M., Cimon-Morin, J., Poulin, M., **Meyer,** L., Joner, D.C. and **Loyola, R.** (2021). The importance of protected areas and Indigenous lands in securing ecosystem services and biodiversity in the Cerrado. *Ecosyst. Serv., 49*, 101282.

Resende, F.M., Meyer, L., Vieira, R.R.S., Bizri, H.R.E., Pacheco, M.T., Fernandes, G.W. and **Loyola, R.** (2021). Covid-19 pandemic and harmful policies push Brazil into an environmental crisis. *OSF Prepr*. 1-13.

Ribeiro, S., Almeida-Rocha, J.M., Weber, M.M., Kajin, M., **Lorini, M.L**. and Cerqueira, R. (2021). Do anthropogenic matrix and life-history traits structure small mammal populations? A meta-analytical approach. *Conservation Genetics, 22(5),* 703–716.

Richter, A., **Nakamura, G., Iserhard, C. and Duarte, L**. (2021). The hidden side of diversity: Effects of imperfect detection on multiple dimensions of biodiversity. *Ecology and Evolution, 11(18)*, 12508–12519.

Rocha, B.S., García-Berthou, E., Novaes, J.L.C., **Bini, L.M.** and **Cianciaruso, M.V.** (2021). Interspecific synchrony is related to body-length similarity in a fish community under prolonged drought conditions. *Science of The Total Environment, 781*, 146721.

Sales, L.P., Hayward, M.W. and **Loyola, R.** (2021). What do you mean by “niche”? Modern ecological theories are not coherent on rhetoric about the niche concept. *Acta Oecologica, 110*, 103701.

Silva, M.N., Granzotti, R.V., **Bortolini, J.C., Carvalho, P.,** Rodrigues, L.C. and **Bini, L.M.** (2021). Functional distance does not predict interspecific synchrony, but functional diversity directly affects community stability. *Limnologica, 86*, 125848.

Silva, M.N., **Granzotti, R.V., Carvalho, P.,** Rodrigues, L.C. and **Bini, L.M.** (2021). Niche measures and growth rate do not predict interspecific variation in spatial synchrony of phytoplankton. *Limnology, 22(1)*, 121-127.

Soares, B.E. and **Nakamura, G.** (2021). Ecologia filogenética de comunidades de peixes de riacho neotropicais. *Oecologia Australis*, *25(2)*, 433-448.

Targueta, C.P., Albernaz, V.B., Braga-Ferreira, R.S., Lourenço, L.B., Brito, P. and **Telles, M.P.C.** (2021). Montagem de Cariótipos: estratégia de aprendizagem remota e interativa. *Genética na Escola* (online), *16*, 218-227.

Tessarolo, G., Ladle, R.J., Lobo, J.M., **Rangel, T.F. and Hortal, J.** (2021). Using maps of biogeographical ignorance to reveal the uncertainty in distributional data hidden in species distribution models. *Ecography, 44*, 1743-1755.

Tonela, L. H., et al. (**Ribas, L. G**.). (2021) NEOTROPICAL FRESHWATER FISHES: a dataset of occurrence and abundance of freshwater fishes in the Neotropics. *Ecology 104(4), e3713.*

Tourinho, L., Sinervo, B., Caetano, G.H.O. and **Vale, M.M.** (2021). A less data demanding ecophysiological niche modeling approach for mammals with comparison to conventional correlative niche modeling. *Ecological Modelling, 457*, 109687.

Trindade, F.J., Rodrigues, M.R., **Figueiró, H.V.**, Li, G., Murphy, W.J. and **Eizirik, E.** (2021). Genome-wide SNPs clarify a complex radiation and support recognition of an additional cat species. *Molecular Biology and Evolution, 1*, msab222.

Vale, M. M., Berenguer, E., de Menezes, M. A., de Castro, E. B. V., de Siqueira, L. P., and Rita de Cássia, Q. P. (2021). The COVID-19 pandemic as an opportunity to weaken environmental protection in Brazil. *Biol. Conserv.*, 255, 108994.

Vale, M.M., Lima-Ribeiro, M.S. and **Rocha, T.C**. (2021). Global land-use and land-cover data for ecologists: Historical, current, and future scenarios. *Biodiversity Informatics, 16*, 28-38.

Vaz, S., Manes, S., Gama-Maia, D., Silveira, L., Mattos, G., Paiva, P.C., Figueiredo, M.S.L., and **Lorini, M.L.** (2021). Light pollution is the fastest growing potential threat to firefly conservation in the Atlantic Forest hotspot. *Insect Conservation and Diversity, 14*: 211-224.

Zaluar, M. T., and **Vale, M. M.** (2021). Are invasive marmosets harmful to Atlantic Forest birds?. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 19: 153-160.

2022

Almeida, P.C.R., Feitosa, D.T., **Terribile, L.C**., **Oliveira, R F.** and Prudente, A.L.C. (2022). Co-occurrence patterns between false coral snake Atractus latifrons (Günther, 1868) (Serpentes: Dipsadidae) and venomous coral snakes from the Amazon. *Anais Da Academia Brasileira De Ciências, 94*: e20210991.

Antunes, Adriana Maria, Stival, Júlio Gabriel Nunes, **Targueta, Cíntia Pelegrineti**, **Telles, M, P, C., Soares, T. N.** (2022). A Pipeline for the Development of Microsatellite Markers using NextGeneration Sequencing Data. *Current Genomics*, 23, 175-181.

Bampi, H., Barberi, M., **Lima-Ribeiro, M.S.** (2022) Megafauna kill sites in South America: A critical review. *Quaternary Science Reviews, 298,* 107851.

Barreto, H. F., Jerusalinsky, L., **Eduardo, A. A**., Alonso, A. C., Júnior, E. M. S., Beltrão-Mendes, R., Ferrari, S. F., and **Gouveia, S. F.** (2022). Viability meets suitability: distribution of the extinction risk of an imperiled titi monkey (*Callicebus barbarabrownae*) under multiple threats. *Internat. J. Primatol. 43*, 114–132.

Borges, M. E. et al. (...**Diniz-Filho, J. A. F.**...) (2022). Modelling the impact of school reopening and contact tracing strategies on Covid-19 dynamics in different epidemiologic settings in Brazil. *Global Epidemiology, 4*, 100094.

Carvalho, F.G., **Duarte, L.**, Seger, G.D.S., **Nakamura, G.,** Guillermo-Ferreira, R., Cordero-Rivera, A., Juen, L. (2022). Detecting Darwinian Shortfalls in the Amazonian Odonata. *Neotrop Entomol 51*, 404–412. https://doi.org/10.1007/s13744-022-00961-y

Cerezer, F. O., Machac, A., **Rangel T. F., Dambros, C. S.** (2022). Exceptions to the rule: Relative roles of time, diversification rates and regional energy in shaping the inverse latitudinal diversity gradient. *Global. Ecol. Biogeogr. 31,* 1794-1809.

De Queiroz, A.C.F., Anton-Pardo, M., **Bini, L.M.** and **Melo, A.S.** (2022). Invertebrate beta diversity in permanent and temporary lentic water bodies: a meta-analytic assessment. *Hydrobiologia*, 849: 1273-1285.

Diniz, M. F. et al. (...**Loyola, R. D.**) (2022). How 30 years of land-use changes have affected habitat suitability and connectivity for Atlantic Forest species. *Biol. Conserv., 274*, 109737.

Diniz-Filho, J. A. F. , Soares, T. N., Chaves, L. J., Terribile, L. C., Telles, M. P. C. (2022). Isolation-by-ecology in a Neotropical savanna tree. *Tree Genet. Genom., 18*, p. 18-23, 2022

Dobrovolski, R. (2022) The Roots of the Science-Practice Gap: A Materialist View. *Monthly Review*, 33–40.

Estrada, A., Garber, P.A**., Gouveia, S**., Fernández-Llamazares, Á., Ascensão, F., Fuentes, A., Garnett, S.T., Shaffer, C., Bicca-Marques, J., Fa, J.E., Hockings, K., Shanee, S., Johnson, S., Shepard, G.H., Shanee, N., Golden, C.D., Cárdenas-Navarrete, A., Levey, D.R., Boonratana, R., **Dobrovolski, R**., Chaudhary, A., Ratsimbazafy, J., Supriatna, J., Kone, I. & Volampeno, S. (2022) Global importance of Indigenous Peoples, their lands, and knowledge systems for saving the world's primates from extinction. *Science Advances*, 8, 1–20.

Faquin, R., **Machado K.B.,** Borges, P.P., **Teresa, F.B.** and **Nabout, J.C.,** (2022). Differential responses of fish assemblages to environmental and spatial factors are mediated by dispersal-related traits in Neotropical streams. *Freshwater Science*, 41(4): 549-563.

Ferreira, R.B., Parreira, M.R., Arruda, F.V., Falcao, M.J., Mansano, V.F. and **Nabout, J.C.** (2022) Combining ecological niche models with experimental seed germination to estimate the effect of climate change on the distribution of endangered plant species in the Brazilian Cerrado. *Environ.l Monit. Assess.* 194: 283.

Granzotti, R.V., Agostinho, A. A., and **Bini, L. M.** (2022). Drivers and spatial patterns of population synchrony of fish species in a floodplain. *Freshwater Biology*, 67(5), 857-872.

Grelle, C.E. de V., Brum, F.T., Dobrovolski, R., Duarte, L. & Varassin, I.G. (2022). Ecological science and the myth of Cassandra in Brazil. *Oecologia Australis, 26*, 1–6.

Lewinsohn, T.M., Agostini, K, **Freitas, A.V.L.** and **Melo, A.S.** (2022). Insect decline in Brazil: an appraisal of current evidence. *Biology Letters*, v. 18, p. 20220219.

Lopes, E.J.M., **Vilela, B.**, de Freitas Brito, T., do Socorro Araújo de Moura, T., Nemésio, A., Maués, M.M., Krug, C., Martins, M.B., **de Paiva Silva, D., Dobrovolski, R**. & de Oliveira, F.F. (2022) Local abundance of neotropical orchid bees in Amazon forests not related to large-scale climate suitability. *Insect Conservation and Diversity, 15*, 693–703.

Lorenzana, G.P., **Figueiró, H. V.**, (...), **Eizirik, E.** (2022). Whole-genome sequences shed light on the demographic history and contemporary genetic erosion of free-ranging jaguar (Panthera onca) populations. *Journal of Genetics and Genomics 49*, 77-80.

Lupinetti-Cunha, A., Cirino, D. W., **Vale, M. M.**, and Freitas, S. R. (2022). Roadless areas in Brazil: land cover, land use, and conservation status. *Regional Environmental Change*, 22(3): 96.

Manes, S., **Vale, M. M**., and Pires, A. P. (2022). The effectiveness of climate action and land recovery across ecosystems, climatic zones and scales. *Regional Environmental Change, 22*: 5.

Manes, S., **Vale, M. M.**, Malecha, A., and Pires, A. P. (2022). Nature-based solutions promote climate change adaptation safeguarding ecosystem services. *Ecosystem Services, 55,* 101439.

Melo, P. Z., Antunes, A. M., Fernandes, J. G., **Targueta, CP**, Guimarães, R.A., Boaventura-Novaes, C. R. and **Soares, Thannya Nascimento**. Development of microsatellite markers in Pterodon pubescens and transferability to Pterodon emarginatus, two Brazilian plant species with medicinal potential. *Rodriguesia, 73,* 01-08, 2022.

Nabout, J.C., David, A.C.M., Felipe, J.F., **Machado, K.B.,** Carvalho, L. and Cunha, H.F. (2022). Can people detect the loss of water quality? A field experiment to evaluate the correlation between visual perception and water eutrophication degree. *Acta Limnologica Brasiliensia* 34: p. e8.

Nabout, J.C., Tessarolo, G., Pinheiro, G.H.B., Marquez, L.A.M. and De Carvalho, R.A. (2022). Unraveling the paths of water as aquatic cultural services for the ecotourism in Brazilian Protected Areas. *Global Ecology and Conservation* 33: e01958.

Nascimento, E. L. M., Abreu, P. A. C. , Silva, R. R. C. , **Nunes, R.** , Rodrigues, F. M. . An overview of bibliometric indicators about endangered Brazilian Cerrado plant species. *RCA. Revista de Ciências Ambientais (Unilasalle)*, v. 16, p. 1, 2022.

Niemeyer, J., and **Vale, M. M.** (2022). Obstacles and opportunities for implementing a policy-mix for ecosystem-based adaptation to climate change in Brazil's Caatinga. Land Use Policy, 122: 106385.

Nori, Javier **, Villalobos, F. , Loyola, R. D. (**2022). Insufficient protection and intense human pressure threaten islands worldwide. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 20, 223-230.

Oliveira, F. J. M**., Lima Junior, D. P.,** and **Bini, L. M.** (2022). Body size explains patterns of fish dominance in streams. *Hydrobiologia*, 849: 2241-2251.

Pontes, S. R. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F ... Loyola, R. D.**) (2022). Long-term unsustainable patterns of development rather than recent deforestation caused the emergence of Orthocoronavirinae species. *Environ. Microbiol. 24*, 4714-4724.

Pontes, S. R., **Vale, M. M., Diniz-Filho, J. A. F., Fernandes, G. W.,** Reis, A. B. **and Grelle, C. E. V.** (2022). Heading back into the perfect storm: increasing risks for disease emergence in Brazil?. *Rev. Soc. Bras. Med. Trop. 55*, p. e0640.

Ramirez, J.L., Lescroart, J., **Figueiró, H. V.**, (...), **Eizirik, E.** (2022). Genomic signatures of divergent ecological strategies in a recent radiation of Neotropical wild cats. *Mol. Biol. Evol. 39*:msac117..

Ribeiro, B., Guidoni-Martins, K., **Tessarolo, G.**, Velazco, S.J.E, **Jardim, L.**, Bachman, S. P., and **Loyola, R. D.** (2022). Issues with species occurrence data and their impact on extinction risk assessments. *Biol. Conserv., 273*, 109674.

Ribeiro, B., Velazco, S.J.E, Guidoni-Martins, K., **Tessarolo, G.**, **Jardim, L.**, Bachman, S. P., and **Loyola, R. D.** (2022). A toolkit for standardizing, integrating and cleaning biodiversity data. *Methods in Ecology and Evolution, 13*, p. 00-00.

Rodrigues, A. C., **Granzotti, R. V**., dos Santos, N. C. L., **Bini, L. M.**, Severi, W., and Gomes, L. C. (2022). Interspecific variation in fish spatial synchrony relates to reproductive traits in a highly fragmented river. *Austral Ecology*, 47(8), 1636-1651.

Rubalcaba, J. G., **Gouveia, S. F., Villalobos, F., Cruz-neto, A. P.,** Castro, M. G., Amado, T. F., **Martinez, P. A., Navas, C. A., Dobrovolski, R., Diniz-Filho, J. A. F., and Olalla-tárraga, M. A**. (2022). Physical constraints on thermoregulation and flight drive morphological evolution in bats. PNAS 119, e2103745119.

Santos, K. N. J. D., **Carvalho, P.**, **Vieira, L. C. G., Granzotti, R. V.,** and **Bini, L. M**. (2022). The relationship between zooplankton occupancy and abundance in a floodplain is mediated by the hydrological regime. *Acta Limnologica Brasiliensia*, 34.

Schneck, F., **Bini, L.M., Melo, A.S.**, Petsch, D.K., Saito, V.S., Wengrat, S. and **Siqueira, T.** (2022). Catchment scale deforestation increases the uniqueness of subtropical stream communities. *Oecologia*,199, 671-683.

Silva-Filha, C. M R. S , Ricardo, A. O. , **Braga-Ferreira, R. S.**, **Telles, M. P. C., Diniz-Filho, J. A. F.** (2022). Correlação entre diversidade genética e diversidade de espécies (SGDC): uma abordagem de genética de comunidades. *Genética na Escola 17*, 1-9.

Targueta, C. P. , **Braga-Ferreira, R. S.** , Melo, A. A. , Curcio, J. , **Nunes, R.** , Dias, R. O. , Mello-Andrade, F. , Silva, D. M. , Silveira-Lacerda, E. , Castro, T. , Pedroso, T. , Pereira, L. , Mendonca, A. , Almeida, R. , Silva, V. , **Telles, M. P. C.**. (2022). Optimization of Illumina AmpliSeq protocol for SARS-CoV-2 and detection of circulating variants in Goiás State, Brazil from November 2020 to July 2021. *Genetics and Molecular Research*, 21, 1-15.

Ten Caten, C., **Lima-Ribeiro, M.S.**, Yañez-Arenas, C., **Villalobos, F.**, Díaz-Gamboa, L., **Terribile, L.C.** (2022) Robustness of Bergmann's and Rapoport's rules to different geographical range estimates in New World pit vipers. *Journal Of Biogeography, 50*: 365-379.

Tourinho, L., Prevedello, J. A., Carvalho, B. M., Rocha, D. S., and **Vale, M. M.** (2022). Macroscale climate change predictions have little influence on landscape-scale habitat suitability. *Perspectives in Ecology and Conservation, 20(*1): 29-37.

Tourinho, L., Sinervo, B., Caetano, G. H. D. O., Giné, G. A. F., Dos Santos, C. C., **Cruz-Neto, A. P., and Vale, M. M.** (2022). Integrating climate, ecophysiology, and forest cover to estimate the vulnerability of sloths to climate change. *Journal of Mammalogy, 103*(4): 755-766.

Zaluar, M. T., Tardin, R., **Llusia, D.**, Niemeyer, J., Ribeiro, M. C., and **Vale, M. M.** (2022). Impact of invasive marmosets (Primates, Callitrichidae) on bird acoustic diversity in a large neotropical urban forest. *Biological Invasions, 24*(6), 1725-1737.

2023

Bampi, H., Barberi, M., **Lima-Ribeiro, M.S.** (2023) Kill Site Database: a unified dataset on human-megafauna interactions across time and space. *Data In Brief*, 47, 108998.

Barreto, E., Holden, P. B, Edwards, N., **Rangel, T. F.** (2022). A spatial time series of the global climate over the last 5 million years ( ). *Global. Ecol. Biogeogr., 32*, 1034-1045.

Berg De Almeida, G. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F.**) (2023) Dynamic Transmission Modeling Of Covid-19 To Support Decision-Making In Brazil: A Scoping Review In The Pre-Vaccine Era. *Plos Global Public Health, 3*, E0002679.

Bispo, P. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F., DeMarco, P.** 2023) Overlooking vegetation loss outside forests imperils the Brazilian Cerrado and other non-forest biomes. *Nature Ecology & Evolution*, 8, 12-13.

Bordin, K.M., Esquivel-Muelbert, A., Klipel, J., Picolotto, R.C., Bergamin, R.S., da Silva, A.C., Higuchi, P., Capellesso, E.S., Marques, M.C.M., Souza, A.F., **Müller, S.C.** (2023). No

relationship between biodiversity and forest carbon sink across the subtropical Brazilian Atlantic Forest. *Perspectives in Ecology and Conservation 21*, 112–120.

Boschman, L., Carraro, L., **Cassemiro, F. S**., de Vries, J., Florian, A., Hagen, O., Hoorn, C., Pellissier, L. (2023). Freshwater fish diversity in the western Amazon basin shaped by Andean uplift since the Late Cretaceous. *Nature Ecology & Evolution,* 7, 1-8.

Braz, A. G. Figueiredo, M. S. L., Morales, M. W., **Grelle, C. E. V.** (2023). Morphological variability decreases in populations living in less suitable environments and close to the range edges. *J. Biogeogr. 50*: 1749-1762.

Brito, J. B. P**. Antunes, A., Braga, R.. Telles, M. P. C., Targueta, C., Soares, T. N**.(2023). Complete Chloroplast Genomes of Pterodon emarginatus Vogel andPterodon pubescens Benth: Comparative and Phylogenetic Analyses. *CURRENT GENOMICS,* 24,. 236-249

Carneiro, I.M., Paiva, P.C., Bertocci, I., **Lorini, M.L**., de Széchy, M.T.M. (2023). Distribution of a canopy-forming alga along the Western Atlantic Ocean under global warming: the importance of depth range. *Marine Environmental Research*, 188, 106013.

Carvalho, L. R., **Nunes, R. , Sobreiro, M. B. ,** Dias, R. O. , Corvalan, L. C. J. , **Braga-Ferreira, R. S. , Targueta, C. P. , Telles, M. P. C.** . The complete chloroplast genome sequence of Eugenia klotzschiana O. Berg unveils the evolutionary dynamics in plastomes of Myrteae DC. tribe (Myrtaceae). *Gene 2023*, 147488.

Camargo, M. G., et al. (**Morellato L. P. C**) (2023) . Flowering phenology of species with similar flower colours in species-rich communities. *Flora 292*, 152312.

Cañas, J. S., Toro-Gómez, M. P., **Sugai, L. S. M**., Restrepo, H. D. B., Rudas, J., Bautista, B. P., & Ulloa, J. S. (2023). A dataset for benchmarking Neotropical anuran calls identification in passive acoustic monitoring. *Sci Data* 10, 771.

Carvalho, L. R. (Targueta, C. P. e Telles, M. P. C) (2023). The complete chloroplast genome sequence of Eugenia klotzschiana O. Berg unveils the evolutionary dynamics in plastomes of Myrteae DC. tribe (Myrtaceae). *GENE 23,* 329-339.

Cassemiro, F.A.S., Albert., J.A., Antonelli, A., Menegotto,A., Wüest, R.O., Cerezer, F., Coelho, M.T.P., Reis, R.E., Tan, M., Tagliacollo, V., Bailly, D., Silva, V.F.B., Graça, W.J., Ré, R., Ramos, T., Oliveira, A.G., **Dias, M.S.**, **Colwell, R.K**., **Rangel, T.F.**, Graham, C.H. (2023). Landscape Dynamics and Diversification of the Megadiverse South American Freshwater Fish Fauna. *PNAS 120,* e2211974120.

Cássia-Silva, C., Silva Rocha, B., Lievano-Latorre, L. **Sobreiro, M. N**. Diele-Viegas, L. M. 2023. Overcoming the gender bias in ecology and evolution: is the double-anonymized peer review an effective pathway over time?. *PeerJ, 11,* e15186.

Castro, A. A., **Nunes, R.**, Carvalho, L. R. , **Targueta, C. P. , Braga-Ferreira, R. S.** , Melo-Ximenes, A. A. , Corvalan, L. C. J. , **Bertoni, B. , Pereira, A. M. , Telles, M. P. C.** (2023). Chloroplast genome characterization of Uncaria guianensis and Uncaria tomentosa and evolutive dynamics of the Cinchonoideae subfamily. *Scientific Reports, 13*, p. 1.

Cerezer, F. O., **Dambros, C. S**., Coelho, M. T., **Cassemiro, F. A., Barreto, E.,** Albert, J. S., Wüest, R. O., & Graham, C. H. (2023). Accelerated body size evolution in upland environments is correlated with recent speciation in South American freshwater fishes. *Nature Communications, 14*: 1-11.

Cobelo, I., **Machado, K.B.,** David, A.C.M., **Carvalho, P.,** Ferreira, M.E. and **Nabout, J.C.** (2023) Unmanned aerial vehicles and low-cost sensor as tools for monitoring freshwater chlorophyll-a in mesocosms with different trophic state. *International Journal of Environmental Science and Technology*, 20: 5925–5936.

Coelho, MTP, **Barreto E**, **Rangel TF, Diniz-Filho, JAF**, Wuest RO, Bach, W., Skeels, A., McFadden IR, Roberts, DW, Pellissier, L., Zimmermann, NE & Graham, C H. (2023) The geography of climate and the global patterns of species diversity. *Nature* https://doi.org/10.1038/s41586-023-06577-5

Correia, I., Gomes, B. de F., **Villalobos, F**., Ferrari, S. F., & **Gouveia, S. F**. (2023). Lessons from comparative primatology for understanding trait covariation and diversity in evolutionary ecology. *Mammal Review,* 53(1), 32–47.

Corvalan, L. C.J., Carvalho, L. R. , Melo, A. A. , **Targueta, C. P. , Braga-Ferreira, R. S. , Nunes, R. , Telles, M. P. C.** (2023). Data of SSRs primers for high-throughput genotyping-by-sequencing (SSR-Seq) based on the partial genome assembly of *Eugenia klotzschiana* (Myrtaceae). *Data In Brief, 46*, 108917.

Corvalan, L.C.J., **Sobreiro, M. B.**, Carvalho, L. R. , Dias, R. O. , **Braga-Ferreira, R. S. , Targueta, C. P.** , Silva Neto, C. M. E. , **Bertoni, B. , Pereira, A. M. , Diniz-Filho, J. A. F. , Telles, M. P. C. , Nunes, R.** (2023). Chloroplast genome assembly of Serjania erecta Raldk: comparative analysis reveals gene number variation and selection in protein-coding plastid genes of Sapindaceae. *Frontiers in Plant Science 14, https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1258794*.

Coutinho, A.G., Carlucci, M.B., Cianciaruso, M.V. (2023). A framework to apply trait-based ecological restoration at large scales. *Journal of Applied Ecology 60*, 1562–1571.

De Rezende, B.L.M, **Dala-Corte, R.B**. and **Melo, A.S.** (2023). Considering dispersal costs to understand fish community dissimilarity in a high-gradient basin of North America. *Ecology of Freshwater Fish*, 33 (1), e12739.

Diniz-Filho, J. A., Coelho, M. T. P., and **Terribile, L. C.** Unpacking underdetermination: Theoretical challenges in understanding macroecological and biogeographic patterns. *Journal of Biogeography 50, 1890-1898.*

Diniz-Filho, J. A. F., Jardim, L., Guedes, J., **Meyer, L.,** Stropp, J., Frateles, L., **Pinto, R.B, Lohman, L., Tessarolo, G., Carvalho, C. J. B.,** Ladle, R., **and Hortal, J.** (2023). Macroecological links between the Linnean, Wallacean, and Darwinian shortfalls. *Frontiers of Biogeography. 10,* 1-11. 10.21425/F5FBG59566.

Duarte, L., Nakamura, G., Debastiani, V., Maestri, R., Pereira, M., J. R, **Cianciaruso, M., Diniz-Filho, J. A. F.** (2023), There and back to the present: a model-based framework to estimate phylogenetically constrained alpha diversity gradients. *Ecography, 2023*: e06544.

Garcez, F. S., et al. (**Eizirik, E.)** (2023). Phylogeographic analyses of an endemic Neotropical fox reveal evidence of hybridization with a different Canid species. *J. Heredity* 115, 339-410.

Guedes, J., Moura, M. R. and **Diniz-Filho, J. A. F**. (2023) Species out of sight: elucidating the determinants of research effort in global reptiles. *Ecography*, 2023, p. 1-14.

Guerra, G. F. C., **Vale, M. M.**, Tardin, R., Fernandes, D. S. (2023). Global change explains the neotropical rattlesnake *Crotalus durissus* (Serpentes: Viperidae) range expansion in South America. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 21 (3): 200-208.

Keesen, F. et al. (**Grelle, C. E. V.**) (2023). New Applications of An Old Individual-Based Model For Biological Dynamics. *Ecological Modelling.* 476, 110234.

Klipel, J., Bergamin, R.S., **Cianciaruso, M.V**., da Silva, A.C., Jurinitz, C.F., Jarenkow, J.A., **Bordin, K.M**., Molz, M., Higuchi, P., Picolotto, R.C., **Debastiani, V.J.**, **Müller, S.C.** (2023). How do distinct facets of tree diversity and community assembly respond to environmental variables in the subtropical Atlantic Forest? *Ecology and Evolution 13*, e10321. https://doi.org/10.1002/ece3.10321

Kuchenbecker, J., Camarota, F., Perillo, L. N., Beirão, V., **Fernandes, G. W**., Santos, N. C., Silveira Cardoso, I. G., & Neves, S. (2023). Differential response of fire on the community dynamics of five insect taxa in a tropical mountaintop forest archipelago. Ecology and Evolution, 13(12), e10806. https://doi.org/10.1002/ece3.10806

Lima, V. F. M. et al. (**Soares, T. N.**) (2023). Genetic and reproductive evidence of incomplete isolations barriers between Pterodon emarginatus and P. pubescens (Leguminosae, Papilionoideae). *Acta Botanica Brasilica, 37*, e20220253.

Lopes, F., Oliveira, L. R., Beux, Y., **Kessler, A**., Cárdenas-Alayza, S., Majluf, P., Páez-Rosas, D., Chaves, J., Crespo, E., BrownellJr., R. L., M. Baylis, A. M., Sepúlveda, M., Franco-Trecu, V., Loch, C., Robertson, B. C., Peart, C. R., W. Wolf, J. B., & **Bonatto, S. L.** (2023). Genomic evidence for homoploid hybrid speciation in a marine mammal apex predator. *Science Advances*. https://doi.org/adf6601

Machado, K.B., Andrade, A.T., Almeida, M.F. and **Nabout, J.C.** (2023). Systematic mapping of phytoplankton literature about global climate change: revealing temporal trends in research. *Hydrobiologia* 850: 167-182.

Machado, K.B.**, Bini, L.M., Melo, A.S., Andrade, A.T., Almeida, M.F., Carvalho, P., Teresa, F.B., Roque, F.O., Bortolini, J.C., Padial, A.A., Vieira, L.C.G., Dala-Corte, R.B., Siqueira, T., Juen, L., Dias, M.S.,** Gama-Júnior, W.A., **Martins, R.T.** and **Nabout, J.C.** (2023) Functional and taxonomic diversities are better early indicators of eutrophication than composition of freshwater phytoplankton. *Hydrobiologia* 850:1393-1411.

Márquez, L. A. M., Rezende, E. C. N., **Machado, K. B.**, Nascimento, E. L. M., Castro, J. D'A B., **Nabout, J. C.** (2023). Trends In valuation approaches for cultural ecosystem services: a systematic literature review. *Ecosystem Services 64*, 101572.

Melo-Ximenes, A. A., Corvalan, L. C. J., Carvalho, L. R., Mangini, T., **Sobreiro, M. B**., Vieira, L. D., Dias, R. O., Silva-Neto, C. M., **Telles, M. P. C., Nunes, R.** (2023) M,itochondrion genomes of seven species of the endangered genus *Sporophila* (Passeriformes: Thraupidae). *Genetics and Molecular Biology* 47 (1): e20230172(2024).

Muller, G. et al. (**Diniz-Filho, J. A. F.**) (2023). Modeling the impact of child vaccination (5-11 y) on overall COVID-19 related hospitalizations and mortality in a context of omicron variant predominance and different vaccination coverage paces in Brazil. *The Lancet Regional Health - Americas*, 17, 100396.

Nabout, J.C., Machado, K.B., David, A.C.M, Mendonça, L.B.G., Silva, S.P. and **Carvalho, P**. (2023). Scientific literature on freshwater ecosystem services: trends, biases, and future directions. *Hydrobiologia*, 850: 2485–2499.

Nakamura, G., Rodrigues, A.V., Luza, A.L., Maestri, R., Debastiani, V., **Duarte, L.** (2023). Herodotools: An R package to integrate macroevolution, biogeography and community ecology. *Journal of Biogeography 50* (https://doi.org/10.1111/jbi.14610)

Nakamura, G., Soares, B. E**., Pillar, V. P., Diniz-Filho, J. A. F. & Duarte, L.** (2023) Three pathways to better recognize the expertise of Global South researchers. *NPJ Biodiversity* 2(1), 1-4.

Oliveira, P.H.F., **Machado, K.B., Teresa, F.B.,** De Carvalho, R.A., Ferreira, M.E., Tejerina-Garro, F.L., **Carvalho, P**., Ferragut, C., **Melo, A.S.** and **Nabout, J.C.** (2023). Spatial distance explains the periphyton metacommunity structure of a neotropical stream network. *Hydrobiologia* 850: 1869-1884.

Parreira, M.R., **Tessarolo, G.**, **Nabout, J.C.,** (2023). Incorporating symmetrical and asymmetrical dispersal into Ecological Niche Models in freshwater environments. *Acta Limnogica Brasilensia*, 35,.x.

Parreira, M. R. **Nabout, J. C** (2023). Hydropower Plants As Dispersal Barriers In Freshwater Species Distribution Models: Using Restrictions Through Asymmetrical Dispersal Predictors. *Environmental Management 72,* 424-436.

Paula-Souza, L. B., Lima, D. J., Nakamura, G., Diniz-Filho, J. A. F. (2023). Global patterns and mechanisms shaping dimensionality diversity In sharks. *Basic And Applied Ecology* 72, 30-37.

Pie, M.R., Divieso, R. & Caron, F.S. (2023) Clade density and the evolution of diversity-dependent diversification. *Nat Commun 14, 4576.* https://doi.org/10.1038/s41467-023-39629-5

Pinto, R. B., Braga-Ferreira, R., Goncalves, A. R., Telles, M. P. C., Chaves, L. J., Alves-Resende, A., Diniz-Filho, J. A. F. and Mansano, V. F. (2023). Untangling the *Hymenaea stigonocarpa* complex (Fabaceae) using population genetics and morphology. *Bot. J. Linn. Soc. 202*, 134-147.

Portela, R.C. Q., Tourinho, L., Santos, T., **Vale, M. M**. (2023). Juçara Palm ecological interactions threatened by climate and land use changes. *Biotropica,* 55: 1126-1130.

Rabelo, K. C. C. , **Nunes, R**. , Rabelo, J. C. , Furquim, M. G. D. , Sousa Junior, J. C. , **Telles, M. P. C**. (2023). Patenteamento de biotecnologias no Brasil: proteção patentária no campo biotecnológico de angiospermas nativas brasileiras*. *Cadernos De Ciência & Tecnologia,* 40, p. 1,.

Ramalho, Q., **Vale, M. M.**, Manes, S., Diniz, P., Malecha, A., and Prevedello, J. A. (2023). Evidence of stronger range shift response to ongoing climate change by ectotherms and high-latitude species. *Biological Conservation, 279*: 109911.

Rocha, B.S., García-Berthou, E., **Cianciaruso, M.V.** (2023). Non-native fishes in Brazilian freshwaters: identifying biases and gaps in ecological research. *Biol Invasions 25,* 1643–1658.

Rubalcaba, J. G., Gouveia, S. F., Villalobos, F., Olalla-Tárraga, M., & Sunday, J. (2023). Climate drives global functional trait variation in lizards. *Nature Ecology and Evolution, 7*, 524–534.

Silva, V.L.; Landgraf, G.O.; Pujals, A.; **Guerra, V.; Gambale, P.G**.; Pereira, G.F.; Graca, R.J.; Cionek, V.; Sacramento, P.A.; Candido, J.; Campanha, J.N.; Oliveira, D.R.; Romagnolo, M.B.; Benedito, E.; Takemoto, R.M.; Oda, F.H. 2023 Field Station Profile - Estação Ecológica do Caiuá. Ecotropica, v. 25, p. 202305.

Souza, K.S., Fortunato, D.S., Jardim, L., Terribile, L.C., Lima-Ribeiro, M.S., Mariano, C.Á., Pinto-Ledezma, J.N., **Loyola, R., Dobrovolski, R., Rangel, T.F**., Machado, I.F., **Rocha, T., Batista, M.G., Lorini, M.L., Vale, M.M., Navas, C.A., Maciel, N.M., Villalobos, F., Olalla-Tarraga, M.Â., Rodrigues, J.F.M., Gouveia, S.F. & Diniz-Filho, J.A.F.** (2023) Evolutionary rescue and geographic range shifts under climate change for global amphibians. *Frontiers in Ecology and Evolution, 11*.

Sousa, V. et al. (**Dala-Corte, R. B.**) **(Teresa, F. B**.) 2023. Factors Affecting The Transferability Of Bioindicators Based On Stream Fish Assemblages. *Science Of The Total Environment* 881, 163417.

Targueta, CPA, Antunes, A. M**., Machado, K. B.,** Fernandes, J.G**., Telles, MPC, Vieira, L. C. G.,** Logares, R**., Nabout, J. C., Soares, T. N.** (2023) Diversity of eukaryotic and prokaryotic microbiota revealed by metabarcoding in Neotropical floodplain lakes. *Anais da ABC*, 95, 1/e20201578, 2023.

Tirelli, F. P. et al. (**Eizirik E**). (2023) Using Dna Barcoding And Species Distribution Models To Characterize The Trophic Ecology Of Geoffroy?S Cat In The Brazilian Pampa. *Mammal Research* 2023, S13364-023-0068.

Tourinho, L., **Vale, M. M**. (2023). Choosing Among Correlative, Mechanistic, And Hybrid Models Of Species' Niche And Distribution. *Integrative Zoology*, 18, 93-109.

Tourinho, L., Maria de Brito Alves, S., Bastos Lobo da Silva, F., Verdi, M., Roque, N., Augusto Conceição, A., Aona, L.Y.S., de Oliveira, G., Nasser Caiafa, A., Rigueira, D.M.G., Jordão Porto, T., **Dobrovolski, R., Vilela, B.** (2023) A participatory approach to map strategic areas for conservation and restoration at a regional scale. *Perspectives in Ecology and Conservation, 21*, 52–61.

Vaz,,S., Manes, S., Khattar, G., Mendes, M., Silveira, L., Mendes, E., Mendes, Rodrigues, E. M., Gama-Maia, D., **Lorini, M.L**., Macedo, M., Paiva, P.C. (2023). Global meta-analysis of urbanization stressors on insect abundance, richness, and traits. *Science of The Total Environment* 903, 165967.

2024

Almeida, T. S., **Oliveira, E. V. S.**, & **Gouveia, S. F.** (2024). Exotic-to-native affinities and plant invasibility in a tropical dry forest. *Biological Invasions*, 26(9), 3003–3016.

Almeida-Silva, M. A, **Braga-Ferreira, R. S., Targueta, Cíntia P.**, Corvalán, L. C. J., Silva-Neto, C. M., Franceschinelli, E. V, **Sobreiro, M. B., Nunes, R.**, **Telles, M. P. C** (2024). Chloroplast genomes of *Simarouba Aubl.:* molecular evolution and comparative analyses within Sapindales. *Scientific Reports 14,* 21358-21374.

Alves-Ferreira, G., **Fortunato, D.S**., Katzenberger, M., Fava, F.G., Solé, M. (2024) Effects of temperature on growth, development, and survival of amphibian larvae: macroecological and evolutionary patterns. *Annais da Academia Brasileira de Ciencias* 96(2), e20230671.

Bampi, H., Pires-Oliveira, J. C., Loyola-Bartra, O., **Lima-Ribeiro, M. S.**.(2024). Language bias, not knowledge shortfall, underestimates the evidence of megafauna kill sites in South America. *Journal Of South American Earth Sciences* 146, e105078.

Bernardy, J. V., Melo, I., **Llusia, D.**, **Diniz-Filho, J. A. F., Bastos, R. P.** (2024)**.** Female preferences for dominant frequency In frogs: constraints and impact on sexual size dimorphism. *Behavioral Ecology & Sociobiolog 78*, 4-13.

Bergamin, R.S., Bastazini, V.A.G., Esquivel-Muelbert, A., Bordin, K.M., Klipel, J., Debastiani, V.J. et al. (**Loyola, R. D**. e **Muller, S.**) (2024) Elevational shifts in tree community composition in the Brazilian Atlantic Forest related to climate change. *Journal of Vegetation Science*, 35, e13289.

Bialic-Murphy, L., McElderry, R. M., Esquivel-Muelbert, A., van den Hoogen, J., Crowther, T. W.… Bordin, K.M… **Müller S.C**., et al. 2024. The pace of life for forest trees. Science 386: 92–98.

Bispo, P. et al. (2024) Overlooking vegetation loss outside forests imperils the Brazilian Cerrado and other non-forest biomes. *Nature Ecology and Evolution, 8*, 12–13.

Camana, M., Ortega, J. C. G., Brejão, G. L., **Melo, A. S., Dias**, **M. S. ,** Becker, F. G. (2024). A global meta-analysis of the effects of land use on the diversity of stream fish and macroinvertebrates. *Aquatic Sciences 86,* 1-13.

Castro-Souza, R. A., **Tessarolo, G.**, Stroop, J., **Diniz-Filho, J. A. F.**, Ladle, R. J., Szinwelski, N, **Hortal, J.**, Sobral-Souza, T. (2024). Mapping Ignorance To Uncover Shortfalls In The Knowledge On Global Orthoptera Distribution. *Npj Biodiversity,* 3, e22.

Cerezer, F. O., Campos, A. B., Dambros, C. S., Maestri, R., Bubadué, J., Caceres, N. C. Rodents show darker and redder coloration in warm and rainy environments. *Global Ecology and Biogeography 33*, 426-438.

Dambros, C. S. et al. (2024). Beta-diversity buffers fragmented landscapes against local species losses. *Oikos* 2024 (in press).

Da Silva Oliveira, E. V., Landim, M. F., **Gouveia, S. F.** (2024). Multiple aspects of tree beta diversity In coastal ecosystems In Brazil. *Journal Of Biogeography* 51, 1458-1468.

De Jesus, G. S., **Machado, K. B.**, **De Carvalho, P., Nabout, J. C. , Bortolini, J. C.** (2024)**.** Effect Of Abrupt Post-Fire Ash Inputs On Water Quality And The Phytoplankton Community In Lentic Freshwaters. *Freshwater Biology* (in press).

Diniz-Filho, J. A. F., Bini, L. M., Pelegrineti, C. P. T., Telles, M .P.C., Jardim, L., Machado, K. B., Nabout, J. C. , Nunes, R., Vieira, L. C. G., Soares, T. N.. (2024). Environmental Dna And Biodiversity Patterns: A Call For A Community Phylogenetics Approach. *Perspectives In Ecology and Conservation, 22*, 15-23.

Divieso, R., **Pie, M. R. , Hortal, J.** (2024)**.** On The Macroecology of rarity And vulnerability To Extinction In Terrestrial Mammals. *Biological Conservation, 296*, e110673.

Frateles, L. E. F., **Da Silva, N. J.**, **Terribile, L. C., Diniz-Filho, J. A. F.** (2024). Linnean Shortfall And Space-Time patterns in species description of New World coralsnakes (Serpentes: Elapidae). *Zoologia Scripta,* 53, 299-311.

Freitas-Oliveira, R., Lima-Ribeiro, M., Faleiro, F. V., Jardim, L., Terribile, L. C.. (2024). Temperature Changes Affected Mammal Dispersal During The Great American Biotic Interchange*. Journal Of Mammalian Evolution 31*, 20.

Freitas-Oliveira, R., Lima-Ribeiro, M., Terribile, L. C. (2024). No evidence for niche competition in the extinction of the South American saber-tooth species. *Npj Biodiversity* 3, 1-5.

Galán-Acedo, C., Verde Arregoitia, L. D., Arasa-Gisbert, R., Auliz-Ortiz, D., Saldivar-Burrola, L. L., **Gouveia, S. F., Correia, I.**, Rosete-Vergés, F. A., Dinnage, R., & **Villalobos, F.** (2024). Global primary predictors of extinction risk in primates. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 291(2032). https://doi.org/10.1098/rspb.2024.1905

Garber, P. A., Estrada, A., Shanee, S., Svensson, M. S., Arregoitia, L. V., Nijman, V., Shanee, N., **Gouveia, S. F.,** Nekaris, K. A. I., Chaudhary, A., Bicca-Marques, J. C., & Hansen, M. F. (2024). Global wildlife trade and trafficking contribute to the world's nonhuman primate conservation crisis. In Frontiers in Conservation Science (Vol. 5). Frontiers Media SA. https://doi.org/10.3389/fcosc.2024.1400613

Granzotti, R. V., Cassemiro, F. S., Agostinho, A. A., **Bini, L. M.** (2024). Drivers of interspecific synchrony and diversity-stability relationships in floodplain fish communities. *Journal of Animal Ecology* 1, p. 1-14 (in press).

Grigoriyan, A., **Lorini, M.L.**, Figueiredo, M.S.L., Almada, E.V.C., Nascimento, S.M. (2024). Effects of culture conditions on the growth of the benthic dinoflagellates *Ostreopsis cf. ovata, Prorocentrum lima* and *Coolia malayensis* (Dinophyceae): A global review. *Harmful Algae*, 132, 102565.

Guedes, J. M., Diniz-Filho, J. A. F., Moura, M. R. (2024). Macroecological Correlates Of Darwinian Shortfalls Across Terrestrial Vertebrates. *Biology Letters 20*, 20240216.

Guedes, J. J. M., Gomes De Lima, H. V., Mendonça, L. R., Chen-Zhao, R., **Diniz-Filho, J. A. F.**, & Moura, M. R. (2024). Temporal trends in global reptile species descriptions over three decades. *Systematics and Biodiversity, 22*(1).

Iserhard, C. A., Malta, S. T., Penz, C. M., Fraga, B. B., Costa, C. A., Schwantz, T. **Bordin, K. M.** (2024). The Large And Central Caligo Martia Eyespot May Reduce Fatal Attacks By Birds: A Case Study Supports The Deflection Hypothesis In Nature. *Peer J*. 4, e71 (1-16).

Klipel, J., Da Cunha Morales, D., **Bordin, K. M.**, Picolotto, R. C., Bergamin, R. S., **Müller, S.C.** (2024). The Role Of Tree Crown On The Performance Of Trees At Individual And Community Levels: Whole-Phenotypic Context Matters. *Plant Ecology* (in press).

Klipel, J., Bergamin, R. S., **Bordin, K. M.**, Picolotto, R. C, **Müller, S. C.**, De Bello, F. (2024). The Effect Of Neighbor Species' Phylogenetic And Trait Difference On Tree Growth In Subtropical Forests. *Journal Of Vegetation Science*, 35, E13296.

Kuchenbecker, J., Oki, Y., Camarota, F. et al. (**Fernandes, G. W.**) Evaluating the role of fire over a decade in a tropical mountainous forest-grassland mosaic. J. Mt. Sci. 21, 4191–4207 (2024). https://doi.org/10.1007/s11629-024-8897-0

Lowenberg-Neto, P. (2024). Validating the timing of New World monkey dispersal routes by lineage dispersal modeling and description of the Amazonian eastward route. *Journal of Mammalian Evolution, 31*, 14-13.

Machado, K. B., De Oliveira, P. H. F., Ferragut, C., **Teresa, F. B., Nabout, J. C.** (2024). Environmental Gradients and Anthropogenic Landscape Modification Determine Composition Of Functional Traits Of Periphyton Community In Brazilian Cerrado Streams. *Hydrobiologia (in press)*.

Manes, S., **Vale, M. M.**, Pires, A. P. (2024). Nature-based solutions potential for flood risk reduction under extreme rainfall events. *Ambio* 53(8), 1168-1181.

Martins, M. P. M., Soares, K. W., **Carvalho, P, Bortolini, J. C.** Phytoplankton Community Diversity, Dominance, And Rarity: A Case Study Of Tropical Urban Lakes. *Acta Limnologica Brasiliensia 36*, E1.

Monteiro, L. C. et al. (**Vieira, L. C. G.)** (2024). Mercury Distribution, Bioaccumulation, And Biomagnification In Riparian Ecosystems From A Neotropical Savanna Floodplain, Araguaia River, Central Brazil. *Environmental Research 1*, 118906.

Monteiro, L. C. et al. (**Vieira, L. C. G.)** (2024). Mercury Bioconcentration and Translocation in Rooted Macrophytes (Paspalum repens Berg.) from Floodplain Lakes in the Araguaia River Watershed, Brazilian Savanna. *Water 16,* e1199.

Nabout, J. C., Pinto, F. E., Rabelo, P. V. S., de Carvalho, R. A., & **Teresa, F. B.** (2024). Human Impacts and Larger Geographic Area Explain the Highest Number of Non-Native Species of Freshwater Fishes Into Brazilian Protected Area. *Aquatic Conservation: Marine and Freshwater Ecosystems*, 34(12), e70026.

Nakamura, G., Rodrigues, A. V., Luza, A. L. Maestri, R., **Debastiani, V, Duarte, L.** (2024) Herodotools: An R Package To Integrate Macroevolution, Biogeography And Community Ecology. *Journal Of Biogeography 51*, 533-543.

Oliveira, E V S, Landim, M F., **Gouveia, S. F**. (2024). Assembly structures of coastal woody species of eastern South America: Patterns and drivers. *Plant Diversity 46*, 611-620.

Oliveira, E. V. S., Landim, M. F., & **Gouveia, S. F.** (2024). Multiple aspects of tree beta diversity in coastal ecosystems in Brazil. *Journal of Biogeography*, *51*(8), 1458–1468. https://doi.org/10.1111/jbi.14842

Oliveira, H. S., **Gouveia, S.F.** (2024). Overcoming biases of birds research in the Caatinga. *Perspectives in Ecology and Conservation*, 22, 270-276.

Oliveira, F. J. M., Lima, L. B., **Lima-Junior, D. P., & Bini, L. M.** (2024). The relative importance of environmental variables at different spatial scales in structuring a stream fish metacommunity. *Wetlands Ecology and Management*, 32, 947–958.

Pereira, A.L.A., **de Carvalho, P**., **Granzotti, R.V**., **Vieira, L.C.G.** and **Bini,** L.M. (2024). Temporal beta diversity increases with environmental variability in zooplankton floodplain communities. *Limnology*, 25: 1-10.

Reis, G. S., Tejerina-Garro, F. L., Dagosta, F. C. P., **Teresa, F. B.**, Carvalho, R. A. (2024). Seeking For Gaps In Taxonomic Descriptions Of Endemic Fishes: A Pathway To Challenge The Linnean Shortfall In A Neotropical Basin. *Neotropical Ichthyology* 22 (in press).

Rodrigues, A. V. , **Duarte, Leandro** (2024). Mapping species richness and evolutionary regions of the genus *Myrcia. Journal of Biogeography, 51*, 827-839.

Santos, G. M., Ortega, J. C., & **Bini, L. M.** (2024). The dimensionality of biodiversity of stream insects in the conterminous US. *Hydrobiologia*, 851, 5195–5206.

Souza, N. F., Leal, J. S., Tourinho, L., Farjalla, V. F., Rocha, D. S., **Vale, M. M.** (2024). Bioindicator aquatic insects at risk from climate change in a biodiversity hotspot. *Science of The Total Environment* 948, 174824.

Tavares, G. R. G., Frateles, L. E. F., **Diniz-Filho, J. A. F.** (2024)**.** Effects of the interaction between Linnean and Darwinian shortfalls on diversification gradients. *Frontiers of Biogeography,* 17, 1-8.

Thomas, A. N. , Richter, A. Spaniol, R. L. , Mendonça, M. S. , **Iserhard, C. A.**. (2024). Hoist the colours: silviculture impacts Fruit-Feeding Butterfly Assemblage Colouration In The Atlantic Forest. *Biodiversity And Conservation* (in press).

Vieira, M. C., de Souza, C. A., Barbosa, H. O., Ortega, J. C., Gomes, L. F., **Vieira, L. C. G.**, & **Bini, L. M.** (2024). Past community data are consistent predictors of zooplankton metacommunity structure in small reservoirs. *Hydrobiologia*, *851*(11), 2775-2786.

Monteiro, L. C., **Vieira, L. C. G.**, Bernardi, J. V. E., do Nascimento Recktenvald, M. C. N., da Costa Nery, A. F., Fernandes, I. O., ... & Bastos, W. R. (2024). Mercury distribution, bioaccumulation, and biomagnification in riparian ecosystems from a neotropical savanna floodplain, Araguaia River, central Brazil. *Environmental Research*, *252*, 118906.

Monteiro, L. C., **Vieira, L. C. G.**, Bernardi, J. V. E., Rodrigues, Y. O. S., de Mesquita, L. P. B., Souza, J. P. R., ... & Bastos, W. R. (2024). Mercury Bioconcentration and Translocation in Rooted Macrophytes (*Paspalum repens* Berg.) from Floodplain Lakes in the Araguaia River Watershed, Brazilian Savanna. *Water*, *16*(9), 1199.

> 2025 *

Belart, P., Figueiredo, M.S.L., Bonetti, C., **Laut, L**., **Lorini, M.L.** (2025). Metacommunity Structure of Benthic Foraminifera in Rio de Janeiro Coastal Lagoons. *Estuaries and Coasts*, 48, 4. https://doi.org/10.1007/s12237-024-01451-7

Belart, P., Keesen, F., **Laut, L.,** Bonetti, C., Figueiredo, M.S.L., **Lorini, M.L.** (in press). A global review on the knowledge gaps of benthic foraminifera of coastal lagoons. *Oecologia Australis*. https://revistas.ufrj.br/index.php/oa/article/view/62056/40589

Bordin, K. M., Morales, D. da C., Klipel, J., Bergamin, R. S., Kramer, J. M. F**., Müller, S. C.,** Thomas, P. A. and Rosenfield, M. F. 2025. The use of functional traits in assessing productivity in natural ecosystems. - In: Kumar, M. et al. (eds), Plant Functional Traits. Plant Biology, sustainability and climate change. Elsevier, pp. 111–133.

Cianciaruso, M.V., Vellosa, L.L.M., Coutinho, A.G. (2025) Can native species control the above-ground biomass and reproductive output of Urochloa decumbens, an invasive grass in the Brazilian savannas? Biological Invasions 27

Cianciaruso, MV., Coutinho A.G., Leite-Jardim, R.I., **Carlucci, M**. 2025. Trait-based selection of suitable plant for restoring degraded ecosystems. - In: Kumar, M. et al. (eds), Plant Functional Traits. Plant Biology, sustainability and climate change. Elsevier, pp. 111–133.

Corvalán, L. C., Carvalho, L. R., F. **Diniz-Filho, J. A., Telles, C., & Nunes, R**. (2025). Is There a Key Primer for Amplification of Core Land Plant DNA Barcode Regions (rbcL and matK)? Ecology and Evolution, 15(2), e70961.

Frateles, L., Tavares, G., **Nakamura, G.**, **da Silva, N., Jr., Terribile, L. and Diniz-Filho, J. A. F.** (2024), The Interaction Between the Linnean and Darwinian Shortfalls Affects Our Understanding of the Evolutionary Dynamics Driving Diversity Patterns of New World Coralsnakes. *Journal of Biogeography* (in press) https://doi.org/10.1111/jbi.15014

Freitag Kramer, J. M., **Bordin, K. M.,** Scarton Bergamin, R., Klipel, J., Caroline Picolotto, R., Zanini, K. J., Zwiener, V. P. and **Cristina Müller, S**. Temporal changes in taxonomic and functional alpha and beta diversity across tree communities in subtropical Atlantic forests. - Oikos: e10961(online early).

Graham, C. H., Araujo, M. L., **Barreto, E.**, Dambros, C. S., **Diniz-Filho, J. A.F.**, Zimmermann, N. E., **Rangel, T. F.**, & Pacheco Coelho, M. T. (2025). Biodiversity Patterns Redefined in Environmental Space. Ecology Letters, 28(2), e70008

Guedes, J. J., Moura, M. R., **Jardim, L.,** & **Diniz-Filho, J. A. F.**. Global Patterns of Taxonomic Uncertainty and its Impacts on Biodiversity Research. *Systematic Biology*. https://doi.org/10.1093/sysbio/syaf010

Loyola-Bartra, O., Granzotti, R.V. & Landeiro, V.L. Drivers of occupancy patterns of stream fishes in a large neotropical basin. Hydrobiologia (2025). https://doi.org/10.1007/s10750-025-05869-3

Melo, I., **Jardim, L.**, Borzée, A., Rödel, M., Webster, G. N., Prasad, V. K., Ghosh, D., Mahony, M., **Diniz-Filho, J. A., & Llusia, D**. Anuran mating systems: The role of climate, life history traits, and sex ratio. *Behavioral Ecology*. https://doi.org/10.1093/beheco/araf006

Nakamura, G. et al. (...Targueta, C. P., Nunes, R., Pinto, R. B., Telles, M. P. C, Diniz-Filho, J. A. F.) (2025) Darwinian shortfall and macroecological patterns in genetic data of Tocantins-Araguaia basin fishes. Neotropical Ichthyology (in press).

Pinto, R. B., Ferreira, I, **Antunes, L. L., Telles, M. P. C**. Silva-Neto, C. (2025). An outstanding new Copaifera L. (Leguminosae, Detarioideae) species from the Araguaia River Basin, Goiás, Brazil. *Phytotaxa.* 687, 101.

Pulzatto, M. M., **dos Santos Ribas, L. G.,** de Assis Murillo, R., Florêncio, F. M., Vilà, M., & **Thomaz, S. M.** (2025). Biocontrol in a warmer world: anticipating the climate suitability of an aggressive invasive plant and its specialist herbivore. *Hydrobiologia*, 1-14.

Silva, S. P., Carneiro, F. M., & **Nabout, J. C.** (2025). Different Approaches to Measuring Diversity Affect the Strength of the Relationship Between Biodiversity and Ecosystem Function in Freshwater Studies: A Meta-Analysis. *Freshwater Biology*, 70(2), e70002.

Tourinho, L., Manes, S., Pires, A. P., **Nabout, J. C., Diniz-Filho, J. A. F., Terribile, L. C., Siqueira, M.F.**, **Tessarolo, G.,** Lorini, M.L., Menezes, M.A de, Boscolo, D., & **Vale, M. M.** (2025). Projected impacts of climate change on ecosystem services provided by terrestrial mammals in Brazil. Ecosystem Services, 71, 101687.

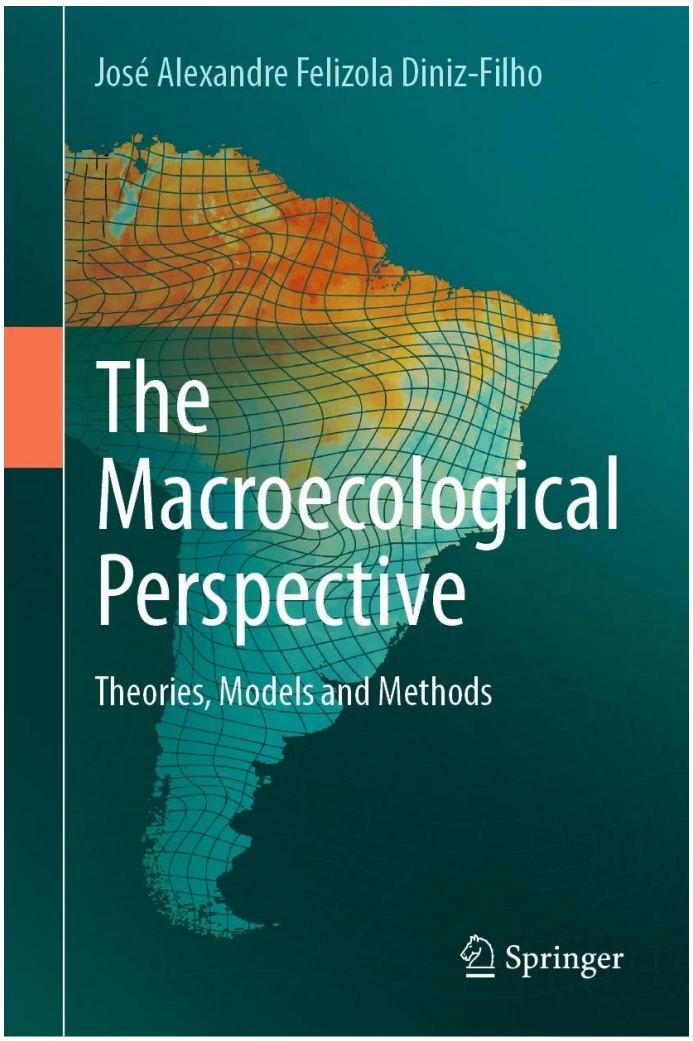
Valente-Neto, F., **Dala-Corte, R. B**., Cunico, A. M., Magalhães, A. L., Godoy, B. S., Leal, C. G., Castro, D. M., Macedo, D. R., **Lima-Junior, D. P.,** Gubiani, É. A., **Roque, F. D. O., Teresa, F. B.,** Oliveira, F. J. M., Becker, F. G., Brejão, G. L., Brito, J., Zuanon, J., Vitule, J. R., Dias-Silva, K., . . . Martins, R. T. (2025). Cost-effective alternatives to facilitate biomonitoring and bioassessment of neotropical streams. *Science of The Total Environment,* 965, 178654.

Malecha, A., Manes, S., & Vale, M. M. (2025). Climate change and biodiversity in Brazil: What we know, what we don't, and Paris Agreement's risk reduction potential. Perspectives in Ecology and Conservation. https://doi.org/10.1016/j.pecon.2025.03.004

Villalobos, F., Gouveia, S. F., & Diniz-Filho, J. A. F. (2025). Evolution and Responses to Climate Change. *Reference Module in Life Sciences*. https://doi.org/10.1016/B978-0-443-15750-9.00094-X

* Artigos publicados, no prelo ou em revisão informados pelas coordenações até março de 2025, mas outros serão posteriormente incluídos na lista de 2025, no ciclo II do EECBio

THE MACROECOLOGICAL PERSPECTIVE (2023)



6. MOVIMENTAÇÃO FINANCEIRA E BOLSAS

6.1. CONSELHO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO (CNPQ)

O CNPq concedeu um total de R$ 7.254.485,31 de recursos financeiros para o INCT EECBio, sendo R$ 5.169.600,00 para a implementação de bolsas, R$1.836.235,31 destinados para gastos com custeio e R$248.650,00 para a compra de bens materiais permanentes (capital). Do total de verba destinada para custeio, R$830.000,00 foram concedidos por meio de um recurso emergencial para a manutenção de equipamentos, mas não foi possível utilizar toda esta verba para a qual foi destinada, e cerca de 30% deste valor foi realocado para o uso com despesas gerais de custeio. O EECBio iniciou suas atividades em 2017 e finalizou em fevereiro de 2025. Neste período, foram gastos R$1.799.668,00 do recurso para custeio e R$248.642,32 do recurso para capital. Quanto ao recurso emergencial, contemplado a partir do ano de 2023, foram gastos R$590.102,73 com a manutenção de equipamentos.

A execução dos recursos de custeio foi organizada em rubricas principais de despesas, conforme demonstrado na Tabela 6.1; e uma descrição mais detalhada do uso deste recurso, dentro de cada uma das rubricas principais, é demonstrado na Tabela 6.2. A rubrica Serviço de Terceiro Pessoa Jurídica (PJ) foi a responsável pela maior parte da execução financeira, totalizando R$927.018,88, o que representa 51,51% do valor total utilizado. Essa rubrica agrupou todos os serviços contratados de terceiros, incluindo a manutenção de equipamentos e serviços técnicos especializados, essenciais para a continuidade das atividades de pesquisa. Vale ressaltar que uma parte considerável deste montante foi executada a partir de 2023, impulsionada pela liberação dos recursos emergenciais. A aquisição de insumos laboratoriais, materiais gráficos e outros itens de consumo necessários para as atividades rotineiras do projeto foram alocadas na rubrica Material de Consumo e também somam grande parte da execução financeira, sendo utilizado 39,13% das despesas realizadas, com um total de R$ 704.296,87. O pagamento de Diárias aos pesquisadores e colaboradores, durante o período entre 2017 a 2025, somam o valor de R$164.251,00, sendo responsável pelo montante de 9,13% do valor total usado no projeto; e as pequenas despesas eventuais relacionadas à execução do projeto, efetivadas diretamente por pesquisadores e posteriormente ressarcidas pelo projeto, foram alocadas na rubrica *Reembolso* e

somam R$4.101,25, sendo responsável pela menor porcentagem de uso do recurso financeiro do projeto (0,23%).

Tabela 6.1. Resumo da Execução Financeira dos Recursos de Custeio do INCT/EECBio, fomentado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), distribuídos nas rubricas principais, pelo período de 2017 a 2025.

RUBRICA	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	TOTAL
Diárias	R$ 11.200,00	R$ 20.800,00	R$ 29.500,80	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 3.520,00	R$ 18.960,00	R$ 67.730,20	R$ 12.540,00	**R$ 164.251,00**
Material de Consumo	R$ 5.583,46	R$ 80,00	R$ 0,00	R$ 61.280,63	R$ 7.569,60	R$ 7.843,40	R$ 5.325,00	R$ 70.669,42	R$ 545.945,36	**R$ 704.296,87**
Reembolso	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 475,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 2.515,94	R$ 1.110,31	R$ 0,00	**R$ 4.101,25**
Serviço de Terceiro PJ	R$ 89.085,53	R$ 28.734,44	R$ 20.871,73	R$ 9.063,08	R$ 10.911,96	R$ 6.996,98	R$ 72.223,86	R$ 76.783,55	R$ 22.245,02	**R$ 336.916,15**
Serviço de Terceiro PJ - Manutenção*	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 199.705,82	R$ 258.188,28	R$ 132.208,63	**R$ 590.102,73**
TOTAL	**R$ 105.868,99**	**R$ 49.614,44**	**R$ 50.847,53**	**R$ 70.343,71**	**R$ 18.481,56**	**R$ 18.360,38**	**R$ 298.730,62**	**R$ 474.481,76**	**R$ 712.939,01**	**R$ 1.799.668,00**

*Legenda: *Valor atribuído após a contemplação do recurso emergencial, a partir do ano de 2023. PJ = Pessoa jurídica.*

Tabela 6.2. Resumo da Execução Financeira dos Recursos de Custeio do INCT/EECBio, fomentado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), especificando os gastos dentro de cada uma das rubricas principais, pelo período de 2017 a 2025.

RUBRICA	ESPECIFICAÇÕES DA DESPESA	2017	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	TOTAL
Diárias	Diárias	R$ 11.200,00	R$ 20.800,00	R$ 29.500,80	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 3.520,00	R$ 18.960,00	R$ 67.730,20	R$ 12.540,00	**R$ 164.251,00**
Material de Consumo	Insumos laboratoriais	R$ 1.400,00	R$ 80,00	R$ 0,00	R$ 61.280,63	R$ 7.182,00	R$ 7.843,40	R$ 0,00	R$ 19.161,42	R$ 535.117,46	**R$ 632.064,91**
	Materiais gráficos	R$ 1.583,46	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 1.900,00	R$ 0,00	R$ 0,00	**R$ 3.483,46**
	Materiais diversos	R$ 2.600,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 3.425,00	R$ 51.508,00	R$ 14.948,74	**R$ 72.481,74**
Reembolso	Combustíveis e/ou transporte urbano	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 475,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 315,94	R$ 1.110,31	R$ 0,00	**R$ 1.901,25**
	Inscrição em evento ou curso	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 2.200,00	R$ 0,00	R$ 0,00	**R$ 2.200,00**
Serviço de Terceiro PJ	Passagens aéreas e/ou terrestres	R$ 11.685,02	R$ 21.571,80	R$ 12.269,12	R$ 988,74	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 42.432,10	R$ 50.572,30	R$ 7.124,18	**R$ 146.643,26**
	Assinatura de software e/ou plataforma online	R$ 0,00	R$ 1.766,14	R$ 0,00	R$ 435,54	R$ 1.318,90	R$ 1.196,98	R$ 0,00	R$ 389,90	R$ 0,00	**R$ 5.107,46**
	Publicação de artigos	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 7.889,01	R$ 0,00	R$ 9.593,06	R$ 0,00	R$ 21.668,14	R$ 1.000,00	R$ 0,00	**R$ 40.150,21**
	Locação de veículo	R$ 1.800,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 1.588,46	R$ 5.768,94	R$ 0,00	**R$ 9.157,40**
	Outros - Serviço de terceiro PJ	R$ 9.139,51	R$ 1.846,50	R$ 713,60	R$ 6.798,80	R$ 0,00	R$ 5.800,00	R$ 530,16	R$ 17.702,41	R$ 11.000,00	**R$ 53.530,98**
	Adequação e/ou manutenção do espaço físico	R$ 63.943,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 387,60	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	**R$ 64.330,60**
	Manutenção de equipamentos	R$ 2.518,00	R$ 3.550,00	R$ 0,00	R$ 840,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 6.005,00	R$ 1.350,00	R$ 0,00	**R$ 14.263,00**
Serviço de Terceiro PJ - Manutenção *	Manutenção de equipamentos com RE	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 199.705,82	R$ 258.188,28	R$ 132.208,63	**R$ 590.102,73**
TOTAL		**R$ 105.868,99**	**R$ 49.614,44**	**R$ 50.847,53**	**R$ 70.343,71**	**R$ 18.481,56**	**R$ 18.360,38**	**R$ 298.730,62**	**R$ 474.481,76**	**R$ 712.939,01**	**R$ 1.799.668,00**

*Legenda: *Valor atribuído após a contemplação do recurso emergencial, a partir do ano de 2023. PJ = Pessoa jurídica; RE = Recurso Emergencial.*

A distribuição percentual dos recursos utilizados pelo CNPq entre as diferentes rubricas, durante o período de vigência do projeto (2017-2025), é demonstrada na Figura 6.1. E os bens materiais, adquiridos com o recurso financeiro destinado para capital, são demonstrados na Tabela 03.

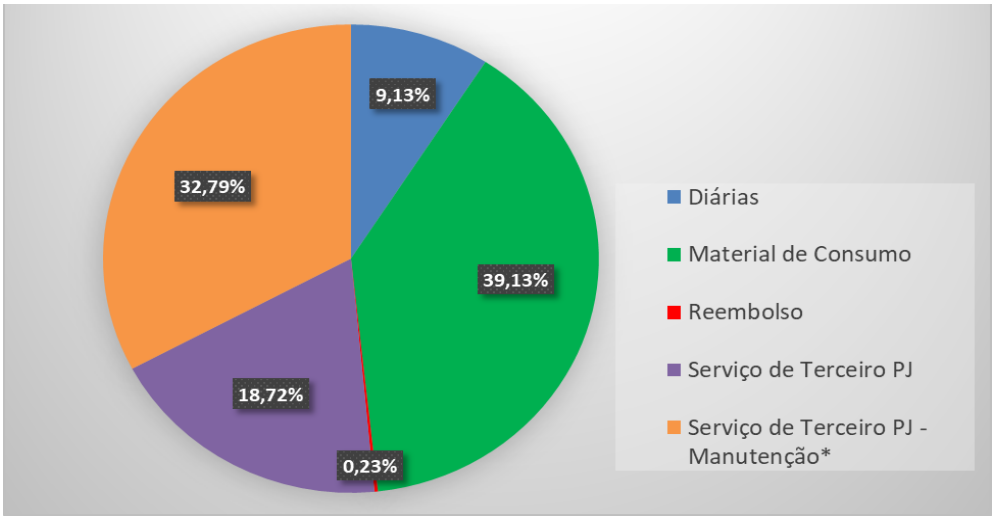


Figura 6.1. Distribuição percentual de uso dos recursos financeiros nas principais rubricas de Custeio do INCT/EECBio, fomentado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), durante o período de 2017 a 2025.

Tabela 6.3. Relação de Bens Duráveis adquiridos com a verba de Capital do INCT/EECBio, fomentado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), durante o período de 2017 a 2025.

N°	QTD.	Discriminação	Valor (R$)
01	01	Container para a Casa de Vegetação/UFG	R$ 5.608,00
02	02	Sondas de oxigênio	R$ 125.010,00
03	01	Bomba a vácuo	R$ 3.066,13
04	03	Data show	R$ 14.400,00
05	04	Ar-Condicionado Split Springer Midea AirVolution 30.000 BTUs	R$ 19.119,00
06	08	Microcomputador Dell Inspiron 3020	R$ 64.425,12
07	01	Microcomputador Portatil Dell Inspiron	R$ 4.589,14
08	01	Estabilizador 500 VA	R$ 608,00
09	01	FRIGOBAR 117L BR 220V	R$ 1.780,00
10	01	Agitador Rotativo Digital Eixo Longo	R$ 3.090,00
11	01	Agitador Rotativo Digital Vertical.	R$ 1.930,00
12	02	VORTEX BASIC 2.800 RPM. 110 V	R$ 1.350,00
13	01	MINICENTRIFUGA 6400RPM, BIVOLT	R$ 1.337,93
14	02	Monitores AOC GAM	R$ 1.400,00
15	01	Microondas LG 30L	R$ 929,00
TOTAL (R$)			**R$ 248.642,32**

É importante ressaltar que no ano de 2020 o cartão BB Pesquisa, usado para a movimentação financeira do recurso do CNPq, foi clonado. Na época, todas as medidas cabíveis foram tomadas com o intuito de preservar o fomento e o nome do pesquisador. As transações em dólares não autorizadas pelo beneficiário foram contestadas; o cancelamento do cartão clonado e a emissão de um novo foi solicitado; e as instituições financeira (Banco do Brasil) e a de fomento (CNPq) foram informadas da clonagem do cartão. A conciliação financeira entre as instituições foi realizada, e a reconstituição do valor total concedido foi restaurado no sistema do CNPq, porém, o limite do cartão BB Pesquisa não foi ajustado, indicando um limite maior do que, de fato, foi usado pelo projeto, e não foi possível utilizar toda a verba concedida pelo CNPq. Assim, o restante da verba concedida, no valor de R$36.572,68 ficou na conta do projeto, e, ao final do projeto, não foi possível emitir a guia de recolhimento para efetuar a devolução deste valor ao CNPq.

6.2. Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG)

O recurso financeiro total aprovado pela FAPEG para o EECBio foi de R$ 3.502.128,65, sendo R$ 1.500.000,00 para capital e R$ 2.002.128,65 para custeio. Durante o período de vigência do projeto, que foi de 2018 a 2025, foram investidos no projeto um total de R$1.978.755,52 da verba destinada para custeio e R$1.468.651,86 da verba destinada para capital.

A execução dos recursos de custeio foi aplicada em rubricas principais de despesas, conforme demonstrado na Tabela 6.4, e uma descrição mais detalhada do uso deste recurso, dentro de cada uma das rubricas principais, é demonstrado na Tabela 6.5. Para a rubrica de Serviço de Terceiro - Pessoa Jurídica foram aplicados R$989.128,04, correspondendo a 49,99% do montante total. Esses serviços incluíram a contratação de empresas especializadas para dar apoio técnico, logístico e operacional nas atividades de pesquisa desenvolvidas em laboratórios e no campo, assim como também no suporte à realização dos diversos eventos científicos promovidos pelo EECBio. O montante de R$709.902,48, cerca de 35,88% do total usado, foi destinado à rubrica de Material de Consumo para a aquisição de insumos laboratoriais, equipamentos de proteção individual, materiais diversos necessários para expedições de coleta e demais itens de consumo essenciais para o andamento das atividades de pesquisa e de extensão do projeto. Para as Diárias foram despendidos R$214.725,00, o que representa 10,85% dos recursos, que cobriram despesas com deslocamento e permanência de pesquisadores e bolsistas, durante a execução de atividades de campo, participação em reuniões de trabalho e eventos acadêmico-científicos. Por fim, foi aplicado na rubrica Serviço de Terceiro - Pessoa Física o valor de R$65.000,00 (3,28% do total), para a contratação de profissionais autônomos que realizaram serviços técnicos especializados, necessários para o apoio a trabalhos de campo, laboratoriais e atividades específicas previstas no cronograma de execução do projeto.

Tabela 6.4. Resumo da Execução Financeira dos Recursos de Custeio do EECBio, fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), distribuídos nas rubricas principais, pelo período de 2018 a 2025.

RUBRICA	**2017**	**2018**	**2019**	**2020**	**2021**	**2022**	**2023**	**2024**	**2025**	**TOTAL**
Diárias	R$ 11.360,00	R$ 52.240,00	R$ 25.920,00	R$ 12.080,00	R$ 5.360,00	R$ 63.730,00	R$ 44.035,00	R$ 0,00	R$ 214.725,00	R$ 11.360,00
Material de Consumo	R$ 12.035,00	R$ 80.169,79	R$ 9.532,89	R$ 120.625,35	R$ 40.699,85	R$ 315.293,75	R$ 29.107,28	R$ 102.438,57	R$ 709.902,48	R$ 12.035,00
Serviço Terceiro PJ	R$ 91.272,24	R$ 130.066,24	R$ 63.685,45	R$ 128.049,19	R$ 139.186,72	R$ 124.510,14	R$ 42.145,96	R$ 270.212,10	R$ 989.128,04	R$ 91.272,24
Serviço Terceiro PF	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 45.000,00	R$ 0,00	R$ 20.000,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 65.000,00	R$ 0,00
TOTAL	**R$ 114.667,24**	**R$ 264.495,03**	**R$ 101.158,34**	**R$ 307.775,54**	**R$ 187.268,57**	**R$ 525.556,89**	**R$ 117.312,24**	**R$ 374.675,67**	**R$ 1.978.755,52**	**R$ 114.667,24**

Legenda: PJ = Pessoa jurídica; PF = Pessoa física.

Tabela 6.5. Resumo da Execução Financeira dos Recursos de Custeio do EECBio, fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), especificando os gastos dentro de cada uma das rubricas principais, pelo período de 2018 a 2025.

RUBRICA	ESPECIFICAÇÕES DA DESPESA	2018	2019	2020	2021	2022	2023	2024	2025	TOTAL
Diárias	Diárias	R$ 11.360,00	R$ 52.240,00	R$ 25.920,00	R$ 12.080,00	R$ 5.360,00	R$ 63.730,00	R$ 44.035,00	R$ 0,00	R$ 214.725,00
Material de Consumo	Insumos laboratoriais	R$ 8.535,00	R$ 79.533,17	R$ 7.625,35	R$ 116.003,87	R$ 39.273,85	R$ 230.272,07	R$ 28.322,28	R$ 102.438,57	R$ 612.004,16
	Material para trabalho de campo	R$ 3.500,00	R$ 636,62	R$ 1.907,54	R$ 4.621,48	R$ 1.426,00	R$ 85.021,68	R$ 785,00	R$ 0,00	R$ 97.898,32
Serviço de Terceiro PJ	Passagens aéreas e terrestres	R$ 14.656,27	R$ 66.767,94	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 931,72	R$ 27.194,84	R$ 30.387,16	R$ 0,00	R$ 139.937,93
	Locação de veículos	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 2.500,00	R$ 1.860,00	R$ 0,00	R$ 15.330,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 19.690,00
	Manutenção de equipamentos	R$ 26.645,97	R$ 47.280,90	R$ 42.185,45	R$ 67.526,19	R$ 16.680,00	R$ 71.905,30	R$ 11.408,80	R$ 0,00	R$ 283.632,61
	Serviço de sequenciamento de DNA	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 58.663,00	R$ 21.337,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 260.712,10	R$ 340.712,10
	Serviços gráficos	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 1.728,00	R$ 0,00	R$ 350,00	R$ 5.000,00	R$ 7.078,00
	Serviços de adequação de espaço fisico	R$ 47.350,00	R$ 16.017,40	R$ 19.000,00	R$ 0,00	R$ 23.240,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 4.500,00	R$ 110.107,40
	Locação de material audio-visual	R$ 2.620,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 2.620,00
	Aluguel de Barco-Hotel	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 75.000,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 75.000,00
	Serviços Laboratoriais e de Processamento do Dados	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 270,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 270,00
	Serviços com hospedagem	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 10.080,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 10.080,00
Serviço de Terceiro PF	Serviço de especificidade profissional - Laboratório	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 45.000,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 45.000,00
	Serviço de especificidade profissional - Campo	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 20.000,00	R$ 0,00	R$ 0,00	R$ 20.000,00
TOTAL		**R$ 14.667,24**	**R$ 62.476,03**	**R$ 99.138,34**	**R$ 305.754,54**	**R$ 185.246,57**	**R$ 523.533,89**	**R$ 15.288,24**	**R$ 372.650,67**	**R$ 1.978.755,52**

Legenda: PJ = Pessoa jurídica; PF = Pessoa física.

A distribuição percentual dos recursos utilizados pela FAPEG entre as diferentes rubricas, durante o período de vigência do projeto (2018-2025), é demonstrada na Figura 02. E os bens materiais, adquiridos com o recurso financeiro destinado para capital, são demonstrados na Tabela 6.6.

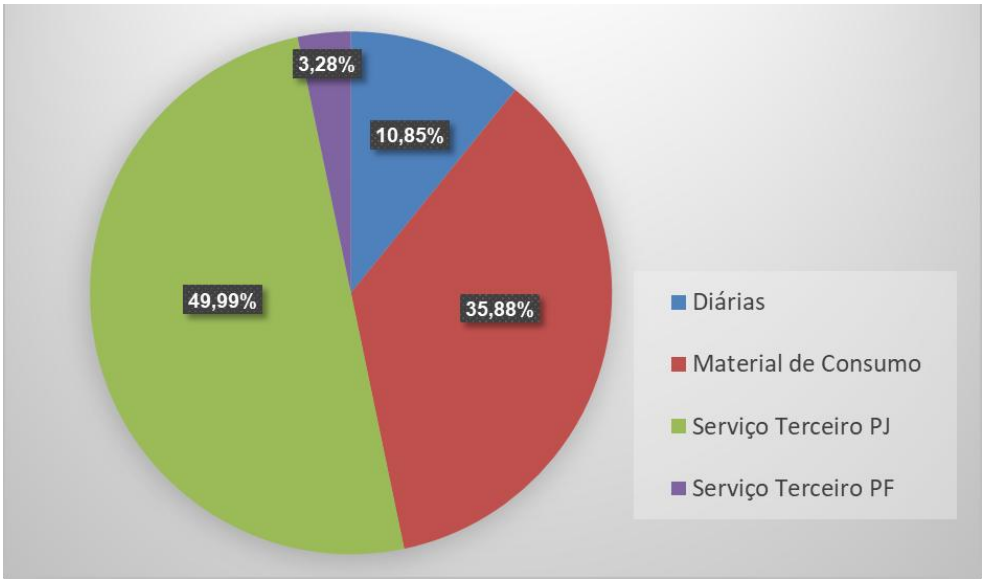


Figura 6.2. Distribuição percentual de uso dos recursos financeiros nas principais rubricas de Custeio do EECBio, fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), durante o período de 2018 a 2025.

Tabela 6.6. Relação de Bens Duráveis adquiridos com a verba de Capital do EECBio, fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG), durante o período de 2018 a 2025.

9	QTD.	Discriminação	Valor (R$)
01	01	HD INT SEAGATE IRONWO 10TB ST10000VN0004	R$ 20.632,74
02	03	Termociclador Veriti 96 well	R$ 75.000,00
03	01	NoBreak Bioanalyzer - NHS inter 1,2KVA BIV/110	R$ 644,00
04	02	NoBreak NB NHS SEM 1,5kva biv/220V	R$ 3.816,00
05	04	Baterias para nobreak Freedom DF 90 HÁ	R$ 1.720,00
06	09	Baterias para nobreak Emerson Network Power	R$ 1.962,00
07	08	Baterias para Nobreak (cluster)	R$ 4.080,00
08	81	Caixas d'água	R$ 12.180,00
09	01	2100 BioAnalyzer Instrument + Software	R$ 142.390,86
10	60	Gravador de dados dataloggers	R$ 30.600,00
11	01	Sistema de Eletroforese Capilar	R$ 168.960,00
12	60	Gravadores automáticos de sons Song Meter SM4 da Wildlife (importação + equipamentos)	R$ 178.860,05
13	01	Deionizador Otico 3500 Bivolt Evolution	R$ 1.722,00
14	01	Balança de Precisão PIONEER PA3102P CAP.3100G Resol. 0,01G	R$ 5.659,00
15	01	Autoclave vertical analogica 18L	R$ 6.200,00
16	01	Vortex multifuncional / 0 - 3300RPM / 220V	R$ 1.623,00
17	01	Cubeta em Quartzo ES 2 faces polidas passo 50 MM - 17,5mL	R$ 390,00
18	01	Cubeta em Quartzo ES 4 faces polidas passo 10 MM - 3,5mL	R$ 325,00
19	01	Forno MUFLA Microprocessado 1200°C	R$ 5.190,00
20	01	Centrifuga de Bancada sem rotor, velocidade 0-4000RPM, Bivolt	R$ 3.241,00
21	01	Rotor de Ângulo fixo 12x15mL, para centrífuga K14-4.000	R$ 714,00
22	01	Barrilhete em PVC Rígido 100% para Agua Destilada, dentre outros	R$ 360,00
23	01	ESPECTROFOTOMETRO DR3900 VISIVEL BIVOLT (Marca: HACH)	R$ 28.500,00
24	02	Lousas de vidro	R$ 1.200,00
25	01	Servidor do INCT (importação + equipamento)	R$ 208.928,64
26	02	02 Notebooks Dell	R$ 9.178,28
27	01	Storage LGBio	R$ 49.000,00
28	10	Monitores Dell	R$ 9.517,50
29	01	Servidor Dell	R$ 420.000,00
30	02	Impressoras HP laser 107w Monocromática- 220V	R$ 2.198,00
31	01	Conjunto de Pipetas Eppendorf	R$ 14.641,65
32	03	Roteadores de internet	R$ 754,00
33	01	Gabinete para escritório	R$ 1.950,00
34	01	Equipamento de quantificação Qubit	R$ 56.514,13
TOTAL (R$)			**R$ 248.642,32**

O cartão do recurso financeiro INCT/FAPEG também foi clonado no ano de 2020, assim como aconteceu com o cartão BB Pesquisa do CNPq. Infelizmente, devido às transações em dólares pela clonagem do cartão e as devoluções de saldos residuais de contratos ou de cancelamento de compras, o limite do cartão BB Pesquisa INCT/FAPEG foi se alterando ao longo dos anos, e não foi possível utilizar o valor real contemplado pela agência de fomento. Desta forma, a conta do recurso financeiro do INCT/FAPEG ficou com o saldo residual de R$54.720,62.

É importante ressaltar que a execução dos recursos financeiros do projeto EECBio, tanto pelo CNPq quanto pela FAPEG, observaram estritamente as diretrizes orçamentárias e operacionais previstas nos Termos de Concessão e de Outorga, firmado com as respectivas agências de fomento. Todas as despesas realizadas visaram assegurar o pleno desenvolvimento das atividades de pesquisa, formação de recursos humanos, extensão e inovação tecnológica, conforme os objetivos estratégicos do INCT/EECBio. O acompanhamento contínuo da gestão financeira e o respeito às normativas garantiram a correta aplicação dos recursos públicos, o que contribuiu para a excelência científica apresentada pelo projeto.

6.3. Utilização da cota de bolsas do CNPq

Definiu-se inicialmente que os GT teriam uma ou duas cotas de bolsa DTI-B ou DTI-C por 48 meses, que poderiam eventualmente ser convertidas em DTI-A respeitando-se o total de recursos de cada uma dessas cotas. As bolsas DTI-C estão sendo destinadas principalmente ao apoio das subcoordenações e eventualmente aos GTs que não possuem trabalhos mais específicos que poderiam ser efetuados com bolsas DTI-C. Os dois "*facilities*" (LGBIO e LETs – "*Cluster*") e a coordenação do EECBio também receberam cotas independentes de bolsas DTI-A ou B, e AT-NM e AT-NS para sua manutenção. Bolsistas DTI-C foram também alocados no laboratório multiusuário de Ecologia Aquática/Limnologia. Com a aprovação de recursos adicionais do CNPq para bolsas, a partir de 2022, estas passaram a ser alocadas em projetos mais específicos de cada um dos Grupos de Trabalho (GTs), preservando, de modo geral, o padrão anteriormente adotado. Uma novidade nesse caso foi a alocação de bolsas para divulgação científica e *mídias* digitais.

Desde dezembro de 2016 já foram implementadas 184 cotas de bolsas DTI-A (29), DTI-B (70), DTI-C (39), AT-NS (15) e AT-NM (31), para um total de 154 estudantes/pesquisadores (algumas cotas foram implementadas por 1 ano, e renovadas

com novo plano de trabalho ou seleção, e alguns bolsistas mudaram de nível) (Tabela 6.3.1). Esses planos de trabalho foram supervisionados por um total de 49 pesquisadores da equipe do EECBio, de um total de 16 instituições (UFG, UFJ, UFS, UFRJ, UFRGS, UFPR, UFBA, UEG, PUC-RS, PUC-GO, JBRJ, IFG, MNCN, UFMG, UNIRIO e UnB). Alguns bolsistas DTI eram estudantes de mestrado ou doutorado e seus trabalhos (dissertações e teses) estão intimamente ligados aos objetivos do EECBio. Um ponto de destaque é que diversos dos bolsistas mais dedicados e que permaneceram mais tempo atuando no projeto passaram a ser docentes em IES e dois deles (Rhewter Nunes e Ramilla Braga) são agora PIs do ciclo II do EECBio (e vários outros participam da equipe de forma mais ampla). Essa preocupação com formação se reflete na participação efetiva dos bolsistas DTI na produção científica do EECBio (ver seção 5.2).

Além dos bolsistas DTI e AT, a equipe formou diversos alunos de IC, Mestrado e Doutorado e outros bolsistas de pós-doutorado com outras bolsas do CNPq e de outras agências (CAPES, FAPEG). Um ponto de destaque é a consolidação de PPGs de alto nível na avaliação da CAPES, inclusive na instituição sede (UFG), onde o PPG em Ecologia & Evolução é o único curso com nota 7 na região Centro-Oeste em todas as áreas (excluindo-se alguns PPGs da UnB). Membros da equipe com maior atuação no EECBio também integram PPGs de excelência na área de biodiversidade, como os da UFRJ e UFRGS. Por outro lado, o EECBio teve um papel importante na consolidação de outros PPGs, com destaque para o RENAC da UEG e o PPG em Ecologia & Conservação da UFS.

Tabela 6.3.1. Bolsistas DTI e AT do EECBio, incluindo o nome do bolsista, supervisor, grupo / GT e IES, a modalidade de bolsa, o número total de meses utilizados em cada bolsa.

id	Bolsista	Processo CNPq	Supervisor	Grupo	IES	Modalidade	Início	Meses
1	Vinnicius de Oliveira Campagnuci	380031/2017-5	Cleomar Rocha	MEDIALAB	UFG	DTI-B	jan/17	7
2	Renato de Paula Mesquita	380032/2017-1	Cleomar Rocha	MEDIALAB	UFG	DTI-C	jan/17	2
3	Cintia P T A Brito	382226/2016-0	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-A	dez/16	12
4	Luciana Oliveira Barateli	374353/2016-6	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NS	dez/16	3
5	Maurivan Vaz Ribeiro	370175/2017-4	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NS	jan/17	2
6	Caroline Turchetto	380033/2017-8	Loreta Freitas	LGBIO	UFRGS	DTI-B	jan/17	3
7	Cristian de Sales Dambros	380004/2017-8	Thiago Rangel	CLUSTER	UFG	DTI-A	jan/17	3
8	Roniel Freitas de Oliveira	380261/2017-0	Levi Carina Terribile	COORD PESQ	UFG_Jatai	DTI-C	fev/17	12
9	Rodrigo Scarton Bergamin	380365/2017-0	Leandro Duarte	COMUNIDADES	UFRGS	DTI-B	mar/17	24
10	Vanessa Guimarães Lopes	380369/2017-6	Luis Mauricio Bini	ECOL AQUATICA	UFG	DTI-C	mar/17	9
11	Adriana Antunes	380368/2017-0	Mariana Telles	LGBIO	UFG	DTI-B	mar/17	5
12	Isaac Trindade dos Santos	380379/2017-1	Sidney Gouveia	MACROECOLOGIA	UFS	DTI-C	mar/17	12
13	Bruno Bittar	370770/2017-0	William Vaz	CEPB	PUC-GO	AT-NS	mar/17	7
14	Eloá Augusta Ribeiro	380467/2017-8	Cleomar Rocha	MEDIALAB	UFG	DTI-C	abr/17	4
15	Kelly da Silva Souza	380466/2017-1	José Alexandre	LETS	UFG	DTI-C	abr/17	9
16	Alice B Rosa	465610/2014-5	Loreta Freitas	GEN	UFRGS	DTI-B	abr/17	24
17	Felipe Cito	380552/2017-5	Eduardo Arcoverde	MACRO/COMUM	UFRJ	DTI-B	abr/17	12
18	Thatyane Almeida	465610/2014-5	Fabricio Teresa	ECOL AQUATICA	UEG	DTI-C	abr/17	24
20	Rodrigo Baggio	380707/2017-9	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFRGS	DTI-B	mai/17	9
21	Fernando Landa Sobral	380709/2017-1	Marcus Cianciaruso	COMUNIDADES	UFG	DTI-B	mai/17	11
22	Carolina Emília dos Santos	380710/2017-0	Alessandro Moraes	ANFIBIOS	IF	DTI-C	mai/17	10
23	João Fabricio Mota Rodrigues	380759/2017-9	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-A	mai/17	18
24	Davi Melo Crescente Alves	380733/2017-0	Sidney Gouveia	MACROECOLOGIA	UFS	DTI-B	mai/17	24

25	Taina Rocha	381045/2017-0	Mariana Vale	ENMs & MC	UFRJ	DTI-B	ago/17	24
26	Ueric José Borges de Souza	381066/2017-7	Mariana Telles	LGBIO	UFG	DTI-B	ago/17	6
27	Fernanda Bruum	381106/2017-9	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-A	ago/17	7
28	Kelly Isadora de Oliveira Correa	381107/2017-5	Sid Gouveia	MACROECOLOGIA	UFBA	DTI-C	ago/17	6
29	Elismara Ribeiro de Araujo	372643/2017-5	William Vaz	CEPB	PUC-GO	AT-NS	out/17	12
30	Gisele Regina Winck	381247/2017-1	Carlos Grelle	MACROECOLOGIA	UFRJ	DTI-B	out/17	**9**
31	Cintia P T A Brito	381373/2017-7	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-A	dez/17	12
32	Rafaela Silva	381395/2017-0	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-B	dez/17	12
33	Fernanda A da S. Cassemiro	381414/2017-5	Adriano Melo	ECOL AQUATICA	UFG	DTI-B	dez/17	12
34	Felícia Miranda Fischer	380186/2018-7	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFG	DTI-A	fev/18	2
35	Roniel Freitas de Oliveira	380218/2018-6	Levi Carina Terribile	COORD PESQ	UFG	DTI-C	fev/18	12
36	Ueric José Borges de Souza	380219/2018-2	Mariana Telles	LGBIO	UFG	DTI-B	fev/18	12
37	Vinnicius Guerra Batista	380320/2018-5	Rogerio Pereira Bastos	ANFIBIOS	UFG	DTI-B	mar/18	24
38	Lucas L C Zanini Jardim	380362/2018-0	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-B	mar/18	12
39	Rejane Santos da Silva	380379/2018-0	Ricardo Dobrovolski	MACROECOLOGIA	UFBA	DTI-C	mar/18	12
40	Felícia Miranda Fischer	380487/2018-7	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFG	DTI-A	abr/18	26
41	Aryanny Irene D de Oliveira	370953/2018-5	Thannya Soares	GEN	UFG	AT-NS	mar/18	12
42	Henrique Figueiró	380509/2018-0	Eduardo Eizirik	GEN	PUC-RS	DTI-A	abr/18	24
43	Jordana Gontijo Fernandes	371411/2018-1	Thannya Soares	GEN	UFG	AT-NM	mai/18	12
44	Jacqueline de Souza Lima	380651/2018-1	Leandro Duarte	COMUNIDADES/LGBIO	URFGS	DTI-B	mai/18	24
45	Mateus Freitas	380552/2018-8	Thiago Rangel	CLUSTER	UFG	DTI-B	mai/18	6
46	Rhewter Nunes	380653/2018-4	Thiago Rangel	CLUSTER	UFG	DTI-B	mai/18	19
47	Fernando de Moura Resende	380674/2018-1	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-A	mai/18	12
48	Marco Guimarães Antunes	380748/2018-5	Marinez Siqueira	ENMs & MC	JBRJ	DTI-C	jun/18	12
49	Gisele dos Santos Moraes	380874/2018-0	Claudio Carvalho	MACROECOLOGIA	UFPR	DTI-C	jun/18	10
50	Eline Martins	380980/2018-5	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-A	ago/18	6
51	André Rangel Nascimento	380986/2018-3	Mario Almeida Neto	COMUNIDADES	UFG	DTI-B	ago/18	24

52	Maxwell Souza Silveira	380989/2018-2	Sidney Gouveia	MACROECOLOGIA	UFS	DTI-C	ago/18	12
53	Felícia Miranda Fischer	381154/2018-1	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFG	DTI-A	set/18	1
54	João Gabriel Silva Fernandes	372159/2018-4	Thiago Rangel	CLUSTER	UFG	AT-NM	set/18	12
55	Frederico A. M. V. Faleiro	381285/2018-9	Levi Carina Terribile	ENMs & MC	UFJ	DTI-B	out/18	12
56	Leila Meyer	381391/2018-3	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-B	nov/18	12
57	Luciana Menezes	381392/2018-0	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFRGS	DTI-A	nov/18	13
58	Mateus Freitas	381393/2018-6	Thiago Rangel	CLUSTER	UFG	DTI-B	nov/18	6
59	Elismara Ribeiro de Araujo	372603/2018-1	William Vaz	CEPB	PUC-GO	AT-NS	nov/18	4
60	Cintia P T A Brito	381490/2018-1	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-A	dez/18	12
61	Rafaela Silva	381489/2018-3	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-B	dez/18	3
62	Barbara Freire Ribeiro Rocha	381491/2018-8	José Alexandre/Thannya	COORD EXTENSÃO	UFG	DTI-C	dez/18	2
63	Hugo Bampst	380167/2019-0	Matheus Ribeiro	MACRO/ENM	UFG	DTI-C	fev/19	12
64	Karine Machado Borges	380171/2019-8	João Carlos Nabout	ECOL AQUATICA	UEG	DTI-B	fev/19	12
65	Rilquer Mascarenhas da Silva	380211/2019-0	Ricardo Dobrovolski	MACROECOLOGIA	UFBA	DTI-C	fev/19	6
66	Rafaela Silva	3814892018-3	Rafael Loyola	CONSERV	UFG	DTI-A	mar/19	5
67	Nayala Etina F Santos	370906/2019-5	William Vaz	CEPB	PUC-GO	AT-NS	mar/19	9
68	Rodrigo Scarton Bergamin	380364/2019-0	Leandro Duarte	COMUNIDADES	UFRGS	DTI-B	mar/19	24
69	Lucas L C Zanini Jardim	380363/2019-4	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-B	mar/19	12
70	Aryanny Irene D de Oliveira	3709052019-9	Thannya Soares	GEN	UFG	AT-NS	mar/19	12
71	Cleiber Cintra Moraes	380405/2019-9	Priscilla de Carvalho	ECOL AQUATICA	UEG/UFG	DTI-C	mar/19	24
72	Thais Araujo	371117/2019-4	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	AT-NM	mar/19	4
73	Aline Tedesco	380557/2019-3	Priscilla de Carvalho	ECOL AQUATICA	UFG	DTI-C	abr/19	13
74	Luisa Urtiaga	380601/2019-2	Ricardo Dobrovolski	MACROECOLOGIA	UFBA	DTI-B	abr/19	12
75	Jordana Gontijo Fernandes	372054/2019-6	Thannya Soares	GEN	UFG	AT-NM	mai/19	9
76	Fernanda Braga	372207/2019-7	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NS	mai/19	12
77	Ramilla Braga	380774/2019-4	Mariana Telles	LGBio	UFG	DTI-A	jun/19	36
78	Gabriel Nakamura de Souza	380830/2019-1	Leandro Duarte	Comunidades	UFRGS	DTI-B	jun/19	12
79	Joyce Beatriz	372298/2019-2	Jose Alexandre	LETS	UFG	AT-NM	jun/19	12

80	Marco Guimarães Antunes	3810772019-5	Marinez Siqueira	ENMs & MC	JBRJ	DTI-C	ago/19	12
81	Camila Maria R Silva Filha	372634/2019-2	Mariana Telles	LGBIO	UFG	ATP-B	ago/19	18
82	Bruna Caroline de Oliveira	381234/2019-3	Rogerio Pereira Bastos	ANFIBIOS	UFG	DTI-C	ago/21	24
83	Murilo dos Santos Silva	381227/2019-7	Rogerio Pereira Bastos	ANFIBIOS	UFG	DTI-C	ago/21	24
84	Danilo Fortunato	381337/2019-7	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-C	out/21	4
85	Rhewter Nunes	381530/2019-1	Mariana Telles	CLUSTER	UFG	DTI-B	mai/18	36
86	Lucas L C Zanini Jardim	381529/2019-3	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-B	mar/19	12
87	Aryane Rosa Gonçalves	381531/2019-8	Mariana Telles	LGBio	UFG	DTI-C	dez/19	12
88	Patrick Menezes	370062/2020-5	Luisa Carvalheiro	Comunidades	UFG	ATNM	jan/20	4
89	Alice Francener N Gonzaga	380108/2020-8	Thiago Rangel	MacroecologiA	UFG	DTI-B	jan/20	12
90	Danilo Fortunato	380298/2020-1	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-B	fev/20	12
91	Anderson Medina	380317/2020-6	Ricardo Dobrovolski	Macroecologia	UFBA	DTI-B	fev/20	12
92	Daisy Jorge	380570/2020-3	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-C	mar/20	12
93	Elisa Barreto	372097/2020-0	Thiago Rangel	Macroecologia	UFG	ATNM	ago/20	4
94	Luiz Guilherme Ribas	380802/2020-1	Luis Mauricio Bini	ECOL AQUATICA	UFG	DTI-A	mai/20	24
95	Fernando Ricardo Vieira Lopes	380752/2020-4	Sandro Bonato	GEN	PUC-RS	DTI-A	abr/20	12
96	Rodrigo Baggio	380910/2020-9	Valerio Pillar	DIV FUNC	UFRGS	DTI-B	mai/20	12
97	Victória Borges Albernaz	380912/2020-1	Thannya Soares	GEN	UFG	DTI-C	mai/20	8
98	Gabriel Nakamura de Souza	381020/2020-7	Leandro Duarte	Comunidades	UFRGS	DTI-B	jun/20	12
99	Danilo Fortunato	380419/2021-1	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-B	fev/21	6
100	Ricardina M L Trindade	372097/2020-0	Jasciele Bortolini	ECOL AQUATICA	UFG	ATNM	ago/20	12
101	Thais Guimarães Castro	373218/2020-6	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NS	out/20	36
102	Camila Maria R Silva Filha	372634/2019-2	José Alexandre	LGBIO	UFG	DTI-C	ago/19	9
103	Juliana Akie Shimoda	371140/2021-8	Luisa Carvalheiro	Comunidades	UFG	AT-NM	abr/21	4
104	Bruno Ferreira Marques	373800/2020-7	Luisa Carvalheiro	Comunidades	UFG	AT-NM	dez/20	8
105	João Fabricio Mota Rodrigues	381234/2021-5	José Alexandre	MACROECOLOGIA	UFG	DTI-A	jun/21	12
106	Frederico Cerbino de Jesus	372401/2021-0	Luisa Carvalheiro	Comunidades	UFG	AT-NM	out/21	12
107	Ariany Rosa Guimarães	382137/2021-3	Mariana Telles	LGBIO	UFG	DTI-B	out/21	12

108	Marcelo Henrique Schwade	372830/2021-8	Leandro Duarte	Comunidades	UFRGS	AT-NS	nov/21	12
109	Kelly da Silva Souza	380055/2022-8	José Alexandre	LETS	UFG	DTI-B	jan/22	11
110	Rafaela Granzotti	380640/2022-8	Luis Mauricio Bini	ECOL AQUATICA	UFG	DTI-A	mar/22	12
111	Eduardo Vinícius da Silva Oliveira	381278/2022-0	Sidney Gouveia	Macroecologia	UFS	DTI-B	mai/22	24
112	José Luiz M. M. Sugai	381280/2022-5	Rogerio Pereira Bastos	ANFIBIOS	UFG	DTI-B	mai/22	24
113	Zander A Spigoloni Vilaça	381281/2022-1	Rogerio Pereira Bastos	ANFIBIOS	UFG	DTI-B	mai/22	24
114	Priscilla G Gambale	381282/2022-8	Rogerio Pereira Bastos	DIVULGAÇÃO	UFG	DTI-B	mai/22	24
115	Sarah J Costa	371429/2022-6	Rogerio Pereira Bastos	DIVULGAÇÃO	UFG	AT-NS	mai/22	24
116	Isadora M Silva	371430/2022-4	Rogerio Pereira Bastos	DIVULGAÇÃO	UFG	AT-NM	mai/22	24
117	Rodrigo Baggio	381371/2022-0	Valerio Pillar	Ecossistemas	UFRGS	DTI-A	mai/22	12
118	Stella Manes da Silva Moreira	381882/2022-5	Mariana Vale	ENMs & MC	UFRJ	DTI-B	jul/22	24
119	João Carlos Pires de Oliveira	381883/2022-1	Matheus Ribeiro	ENMs & MC	UFJ	DTI-B	jul/22	12
120	Gabriel Barbosa	382198/2022-0	Leandro Duarte	Comunidades	UFRGS	DTI-B	ago/22	24
121	Jocilaine Santos de Jesus	382300/2022-0	Thannya Nascimento Soares	GEN	UFG	DTI-C	ago/22	1
122	Kauane Maiara Bordin	382487/2022-2	Sandra Muller/Leandro/Marcus	Comunidades	UFRGS	DTI-B	set/22	12
123	Haylla Aparecida Oliveira Santos	382488/2022-9	João Nabout	Ecologia Aquatica	UEG	DTI-C	set/22	24
124	Carmen Elena Ruiz	382516/2022-2	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-C	set/22	24
125	Walter Rosa	382518/2022-5	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-C	set/22	24
126	Flavia Breseghelo	372364/2022-5	José Alexandre	Macroecologia	UFG	AT-NM	set/22	12
127	Maurício Brandão Vecchi	382742/2022-2	Mariana Vale	ENMs & MC	UFRJ	DTI-B	out/22	22
128	Tiago Souto Martins Teixeira	382743/2022-9	Maria Lucia Lorini	ENMs & MC	UNIRIO	DTI-B	out/22	12
129	Mariel Damasio Mariano	382788/2022-2	Jascieli Bertolini	Ecologia Aquatica	UFG	DTI-C	out/22	24
130	Geizi Tessarolo	382809/2022-0	Jose Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-B	out/22	24
131	Thais Castro	372795/2022-6	Mariana Telles	INCT Geral	UFG	AT-NS	dez/22	48
132	Juliana Kuchenbecker Belisário	380009/2023-4	Geraldo W Fernandes	GT Ecosistemas	UFMG	DTI-A	jan/23	12
133	Vinicius Guerra	380073/2023-4	Rogerio Pereira Bastos	GT anfibios	UFG/Madri	DTI-B	jan/23	12
134	Kelly Silva Souza	380466/2023-6	José Alexandre	GT Macro	UFG	DTI-A	fev/23	14

135	Gabriel Nakamura	380468/2023-9	José Alexandre	Gt Macro/Communidades	UFG/UFRGS	DTI-B	fev/23	12
136	Emily Pereira de Oliveira	370231/2023-6	Rogerio Pereira Bastos	DIVULGAÇÃO	UFG	AT-NM	fev/23	12
137	Danielle Goeldner Pereira	380467/2023-2	Priscilla de Carvalho	Ecologia Aquatica	UFG	DTI-B	fev/23	18
138	Lara Queiroz Mendes	370266/2023-4	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NM	fev/23	12
139	Delubio Pereira Gonçalves Filho	370267/2023-0	Mariana Telles	LGBIO	UFG	AT-NM	fev/23	12
140	Fernanda de Jesus Trindade	380529/2023-8	Eduardo Eizirik	GEN	PUC-RS	DTI-A	fev/23	12
141	Kassia Marques Correa	380532/2023-9	Thannya Nascimento Soares	GEN	UFG	DTI-B	fev/23	12
142	Poliana Pereira de Menezes	370514/2023-8	Luisa Carvalheiro	Comunidades	UFG	AT-NM	mar/23	6
143	Cleiber Cintra Morais	381761/2023-1	Priscilla de Carvalho	Ecologia Aquatica	UFG/UEG	DTI-B	abr/23	9
144	Helon Simões Oliveira	381763/2023-4	Sidney Gouveia	Macroecologia	UFS	DTI-B	abr/23	18
145	Gabriel Pio Couto	381789/2023-3	José Alexandre	Geral (Divulgação)	UFG	DTI-C	abr/23	20
146	Amanda Kessler	381828/2023-9	Eduardo Eizirik	GEN	PUC-RS	DTI-A	abr/23	18
147	Ana Caroline A M Gomes	381829/2023-5	Ludgero Vieira	Ecologia Aquatica	UnB	DTI-B	abr/23	15
148	Edgar Luiz de Lima	382389/2023-9	Mario Almeida Neto	Comunidades	UFG	DTI-B	mai/23	12
149	Fernanda da Paixão Alves	3711412021-4	Leila Meyer	Macroecologia	UFMG	AT	abr/21	24
150	Gedimar Barbbosa	383543/2023-1	André padial	Ecologia Aquatica	UFPR	DTI-B	ago/23	12
151	Roniel Freitas de Oliveira	383542/2023-5	Levi Carina Terribile	ENMs & MC	UFG_Jatai	DTI-A	ago/23	12
152	Laura Barreto de Paula Souza	383113/2023-7	José Alexandre	Ecologia Aquatica	UFG/UnB	DTI-B	set/23	12
153	Viviane Tedesco de Salles	372202/2023-3	Leandro Duarte	Comunidades	UFRGS	AT_NM	set/23	12
154	Lucas Andrade	383971/2023-3	André padial	Ecologia Aquatica	UFPR	DTI-C	ago/23	12
155	Hector A A Romao	372251/2023-4	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NS	set/23	12
156	Eyshila De Souza Tomaz	372329/2023-3	Mariana Telles	GEN	UFG	AT_NM	set/23	12
157	Philip Teles Soares	383974/2023-2	João Carlos Nabout	Macroecologia	UEG	DTI-B	set/23	12
158	Victor Yuri da Silva Moreira	384498/2023-0	Fabricio Teresa	Ecologia Aquatica	UEG	DTI-C	out/23	12
159	Rafael Barbosa Pinto	384718/2023-0	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-A	out/23	12
160	Ana Karoline Moreno	384776/2023-0	Levi Carina Terribile	ENMs & MC	UFJ	DTI-A	nov/23	12
161	Milenna Alice Henrique da Silva	372674/2023-2	José Alexandre	Macroecologia	UFG	AT-NM	nov/23	12

162	Sarah Souza Maia	372675/2023-9	Priscilla de Carvalho	Ecologia Aquática	UFG	AT-NM	nov/23	12
163	Ana Julia Loose	372676/2023-5	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NM	nov/23	12
164	Walter Rosa (2)	384747/2023-0	José Alexandre	GEN / Ecoinformatica	UFG	DTI-C	nov/23	12
165	Julian Nicholas Garcia Willmer	385158/2023-8	Mariana Valle	Macro/ENM & MC	UFRJ	DTI-B	dez/23	12
166	Fernanda Fraga Rosa	385161/2023-9	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-B	dez/23	12
167	Janaina Gomes de Siqueira	385162/2023-5	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-B	dez/23	12
168	Marco Aurélio Mendes Elias	385166/2023-0	José Alexandre	Ecologia Aquática	UFG	DTI-B	dez/23	12
169	Guilherme Batista Sousa Ribeiro	372879/2023-3	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NM	dez/23	12
170	Jhonny José Magalhães Guedes	381394/2024-7	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-A	mar/24	9
171	Mariana Mendes Martins	381485/2024-2	Mariana Vale	ENMs & MC	UFRJ	DTI-C	mar/24	9
172	Inês Soares de Menezes	382215/2024-9	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-C	abr/24	6
173	Fernanda da Paixão Alves	371474/2024-8	Leila Meyer	Macroecologia	UFMG	AT-NS	abr/24	4
174	Elen Carolina Ferreira Moura	371669/2024-3	Rhewter Nunes	GEN	UEG	AT-NM	mai/24	7
175	Vanderlei Júlio Debastiani	382926/2024-2	Marcus Cianciaruso	Comunidades	UFG	DTI-A	mai/24	7
176	Anna Victorya M dos Santos	371951/2024-0	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NM	jun/24	5
177	Lorena Lana Camelo Antunes	383164/2024-9	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-B	jun/24	6
178	Francesca Belem Lopes Palmeira	383166/2024-1	José Alexandre	Macroecologia	UFG	DTI-B	jun/24	6
179	Tatianne Abreu Jardim	383176/2024-7	Levi Carina Terribile	ENMs & MC	UFJ	DTI-B	jun/24	6
180	Maria Eduarda Cerozino Santos	371952/2024-7	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NM	jun/24	6
181	Brennda Menezes da Silva	384229/2024-7	Mariana Telles	GEN	UFG	DTI-B	jun/24	6
182	Caroline Vital da Solidade	383751/2024-1	Mariana Vale	ENMs & MC	UFRJ	DTI-C	jul/24	6
183	Paulo César de Oliveira	372307/2024-8	Rafael Barbosa	Macroecologia	UEG	AT-NM	jul/24	5
184	Hattos de Freitas Gomes	372577/2024-5	Rafael Barbosa	Macroecologia	UEG	AT-NM	ago/24	4
185	Elen de Sa Moreira Machado	382553/2025-1	Mariana Telles	GEN	UFG	AT-NM	jan/25	2

ANEXO 1

Tabela S1 – Equipe do EECBio, originalmente enviada ao CNPq (O) e incorporando novos pesquisadores a partir de 2018 (N), do Brasil e do Exterior, até outubro de 2023). Os pesquisadores estão classificados como Pesquisadores Principais (PI), Participantes (P) e Colaboradores (C) (ver item 4.5 para detalhes).

Equipe	Pais	Nome	Instituição	ESTADO	cat
O	BR	André Victor Lucci Freitas	UNICAMP	SP	P
O	BR	Arthur Angelo Bisco de Oliveira	UFG	GO	C
O	BR	Carlos Eduardo de Viveiros Grelle	UFRJ	RJ	P
O	BR	Eduardo Arcoverde de Mattos	UFRJ	RJ	C
O	BR	Erich Arnold Fischer	UFMS	MS	C
O	BR	Leandro da Silva Duarte	UFRGS	RS	PI
O	BR	Leonor Patricia Morelato	UNESP	SP	P
N	BR	Luisa Mafalda Gigante R.Carvalheiro	UFG	GO	P
O	BR	Marcus Vinicius Cianciaruso	UFG	GO	PI
O	BR	Mário Almeida Neto	UFG	GO	PI
O	BR	Paulo Roberto Guimarães Junior	USP	SP	P
O	BR	Rodrigo Damasco Daud	UFG	GO	C
O	BR	Thomas Michael Lewinsohn	UNICAMP	SP	P
N	BR	Marcos Bergmann Carlucci	UFPR	PR	P
O	BR	Daniel de Brito Candido da Silva	UFG	GO	C
O	BR	Fabiano Rodrigues de Melo	UFG	GO	P
O	BR	Jean Paul Walter Metzger	USP	SP	C
O	BR	Milton Cezar Ribeiro	UNESP	SP	P
O	BR	Natália Mundim Tôrres	UFU	MG	P
O	BR	Rafael Dias Loyola	UFG	GO	PI
O	BR	Rogério Parentoni Martins	UFC	MG	C
O	BR	Alessandra Tomaselli Fidelis	UNESP	SP	P
O	BR	Cristiano Agra Iserhard	UFPel	RS	P
O	BR	Enio Egon Sosinski Júnior	Embrapa	RS	P
O	BR	Fernando Luiz Ferreira de Quadros	UFSM	MS	P
O	BR	Geraldo Wilson Afonso Fernandes	UFMG	MG	P
O	BR	Gerhard Ernst Overbeck	UFRGS	RS	P
O	BR	José Pedro Pereira Trindade	EMBRAPA	RS	P
O	BR	Sandra Cristina Müller	UFRGS	RS	PI
O	BR	Valério De Patta Pillar	UFRGS	RS	PI
N	BR	Ricardo Ribeiro de Castro Solar	UFMG	MG	P
N	BR	Giselda Durigan	IFSP	SP	P
O	BR	Adriano Sanches Melo	UFG	GO	PI
O	BR	Alexandre Schiavetti	UESC	BA	C
O	BR	André Andrian Padial	UFPR	PR	PI
O	BR	Dilermando Pereira Lima Junior	UFMT	MT	P
O	BR	Fabio de Oliveira Roque	UFMS	MS	PI

O	BR	Fabrício Barreto Teresa	UEG	GO	PI
O	BR	Joao Carlos Nabout	UEG	GO	PI
O	BR	Ludgero Cardoso Galli Vieira	UnB	DF	PI
O	BR	Luis Mauricio Bini	UFG	GO	PI
O	BR	Miguel Petrere Jr.	UNISANTA	SP	C
N	BR	Murilo Sversut Dias	UnB	DF	P
O	BR	Priscilla de Carvalho	UFG	GO	P
O	BR	Roger Paulo Mormul	UEM	PR	C
O	BR	Sidinei Magela Thomaz	UEM	PR	P
O	BR	Tadeu de Siqueira Barros	UNESP	SP	PI
O	BR	Victor Lemes Landeiro	UFMT	MT	P
O	BR	Leandro Juen	UFPA	PA	C
N	BR	Jascieli Carla Bortolini	UFG	GO	PI
O	BR	Alexandre Siqueira Guedes Coelho	UFG	GO	C
O	BR	Aline Pedroso Lorenz Lemke	UFMS	MS	C
O	BR	Ana Clara de Oliveira Ferraz Barbosa	IFG	GO	C
O	BR	Ana Maria Soares Pereira	UNAERP	SP	P
O	BR	Bianca Waleria Bertoni	UNAERP	SP	P
O	BR	Daniela de Melo e Silva	UFG	GO	C
O	BR	Edesio Fialho	UFG	GO	C
O	BR	Eduardo Eizirik	PUCRS	RS	PI
O	BR	Evandro Novaes	UFG	GO	C
O	BR	Lázaro José Chaves	UFG	GO	P
O	BR	Loreta Brandão de Freitas	UFRGS	RS	P
O	BR	Marcos José da Silva	UFG	GO	C
O	BR	Mariana Pires de Campos Telles	UFG	GO	PI
N	BR	Rafaela Campostrini Forzza	JBRJ	RJ	C
O	BR	Rosane Garcia Collevatti	UFG	GO	P
O	BR	Sandro Luis Bonatto	PUCRS	RS	P
O	BR	Thales Renato Ochotorena de Freitas	UFRGS	RS	C
O	BR	Thannya Nascimento Soares	UFG	GO	PI
N	BR	Vidal Mansano	JBRJ	RJ	C
O	BR	Maria Emilia Machado Telles Walter	UNB	DF	P
O	BR	Maristela Terto de Holanda	UnB	DF	C
O	BR	Fernanda Lima	UnB	DF	C
O	BR	Claudio José Barros de Carvalho	UFPR	PR	P
N	BR	Cristian de Sales Dambros	UFSM	RS	C
O	BR	Glauco Machado	USP-SP	SP	C
O	BR	José Alexandre Felizola Diniz Filho	UFG	GO	PI
O	BR	Lúcia Garcez Lohmann	USP	SP	P
O	BR	Marcio Pie	UFPR	PR	P
O	BR	Mauricio Moura	UFPR	PR	C
O	BR	Mauro Galetti Rodrigues	UNESP	SP	C
N	BR	Pablo Ariel Martinez	UFS	SE	P
N	BR	Peter Lowenberg Neto	UNILA	PR	P
O	BR	Ricardo Dobrovolski	UFBA	BA	PI

O	BR	Sidney Feitosa Gouveia	UFS	SE	PI
O	BR	Thiago Fernando L. V. B. Rangel	UFG	GO	PI
O	BR	Tiago Bosisio Quental	USP	SP	C
N	BR	Ariovaldo P Cruz-Neto	UNESP	SP	P
O	BR	Rosana Tidon	UnB	DF	P
N	BR	Bruno Vilela de Moraes e Silva	UFBA	BA	PI
N	BR	Leandro Rabelo Monteiro	UENF	RJ	C
N	BR	Vanessa Graziele Staggemeier	UFRN	RN	P
O	BR	Carlos Arturo Navas Iannini	IB-USP	SP	P
O	BR	Alessandro Ribeiro de Morais	IF Goiano Rio Verde	GO	P
O	BR	Fausto Nomura	UFG	GO	P
O	BR	Franco Leandro de Souza	UFMS	MS	P
O	BR	José Perez Pombal Júnior	UFRJ	RJ	P
O	BR	Luciana Barreto Nascimento	PUC Minas	MG	P
N	BR	Luis Felipe de Toledo Ramos Pereira	UNICAMP	SP	P
O	BR	Mirco Solé Kienle	UESC	BA	P
O	BR	Natan Medeiros Maciel	UFG	GO	P
N	BR	Paulo Christiano de Anchietta Garcia	UFMG	MG	P
O	BR	Rodrigo Lingnau	UTFPR	PR	P
O	BR	Rogerio Pereira Bastos	UFG	GO	P
N	BR	Selvino Neckel de Oliveira	UFSC	SC	P
O	BR	Wilian Vaz Silva	PUC Goiás	GO	P
N	BR	Rodrigo Barbosa Ferreira	UFES	ES	P
N	BR	Liliana Piati	UFMS	MS	P
N	BR	Geraldo Jorge B. de Moura	UFRPE	PE	P
N	BR	Gleomar Fabiano Maschio	UFPA	PA	P
N	BR	Moacir Santos Tinoco	UCSAL	BA	P
N	BR	Marina Henriques Lage Duarte	PUC MG	MG	P
O	BR	Daniel de Paiva Silva	IFG	GO	C
O	BR	Fernando Ribeiro Gomes	IB/USP	SP	C
O	BR	Frederico Augusto G. Guilherme	UFJ	GO	C
O	BR	Guilherme de Oliveira	UFRB	BA	P
O	BR	Lazaro Luiz Mattos Laut	UNIRIO	RJ	C
O	BR	Levi Carina Terribile	UFJ	GO	PI
O	BR	Maria Lucia Lorini	UNIRIO	RJ	PI
O	BR	Mariana Moncassim Vale	UFRJ	RJ	PI
N	BR	Marinez Ferreira de Siqueira	JBRJ	RJ	PI
O	BR	Marlon Zortea	UFJ	GO	C
O	BR	Matheus de Souza Lima Ribeiro	UFJ	GO	PI
O	BR	Nelson Jorge da Silva Jr	PUC Goiás	GO	P
O	BR	Paulo De Marco Júnior	UFG	GO	P
N	BR	Wellington Hannibal Lopes	UEG	GO	P
O	Espanha	Miguel Rodriguez A. Fernandez	University of Alcalá (UAH)		C
O	Portugal	Rafael Ignacio M. M. de Orense	MNCN/CSIC		C
O	USA	A. Townsend Peterson	Kansa University		P

O	Espanha	Ana Margarida Coelho dos Santos	Univ. Autonoma Madri	PI
O	França	Sandra Lavorel	Université Joseph Fourier	C
O	USA	Matias Kirst	University of Florida	C
O	Alemanha	Helge Bruelheide (ou 14)	University Halle-Wittenberg	C
O	Espanha	Miguel Ángel Olalla Tárraga	Universidad Rey Juan Carlos	P
O	Holanda	Karl Cottenie	University of Guelph	C
O	Argentina	Adriana Ruggiero	Universidad Nacional del Comahue	C
O	USA	Bradford A. Hawkins	University of California	C
O	Espanha	Sara Varela	Charles University	P
O	Finlandia	Jani Heino	Finnish Environmental Institute	P
O	Espanha	Joaquín Hortal	MNCN/CSIC	PI
O	Portugal	Paulo Alexandre M. Marques	Universidade do Minho	C
O	Canada	Pedro Peres Neto	University of Concordia	C
O	Argentino	Ramiro Logares	Institute of Marine Sciences	C
O	Africa do Sul	David Mark Richardson	Stellenbosch University	C
O	Dinamarca	Carsten Rahbek	Universidade da Dinamarca/CMEC	C
O	Espanha	David Nogués-Bravo	Universidade da Dinamarca/CMEC	C
O	Suiça	Helene H. Wagner	Universidade de Toronto	C
O	Canada	Marie-Josée Fortin	Universidade de Toronto	C
O	Portugal	Miguel Araujo	Imperial College	C
O	Australia	Hugh Possigham	University of Queensland	C
O	Australia	Robert Pressey	James Cook University	C
O	Espanha	Jorge Lobo	MNCN/CSIC	C
O	USA	Robert K Colwell	University of Connecticut	C
O	USA	Stuart Pimm	University of Duke	C
N	Italia	Pasquale Raia	Università di Napoli Federico II	P
N	Mexico	Fabricio Villalobos	Instituto de Ecologia	P
N	Espanha	Diego Llusia	Univ. Autonoma Madri	PI
N	UK	Neil R. Edwards	The Open University	C
N	UK	Philip B. Holden	The Open University	C
N	USA	Ana Carolina Carnaval	City College NY	C
N	Spain	Francesco de Bello	CSIC Valencia	C
N	Mexico	Larissa Sayuri Moreira Sugai	UNAM	PI
N	Colombia	Juan Sebastian Ulloa	Instituto RB Humboldt	P

Goiânia, 30 de abril de 2025



Prof. Dr. José Alexandre Felizola Diniz Filho

Coordenador do INCT EECBio

Departamento de Ecologia, ICB

Universidade Federal de Goiás

diniz@ufg.br