

## Conectando vidas Construindo conhecimento



## XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO
	CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	Correlação entre diversidade da dieta e área de distribuição
	para serpentes da tribo Pseudoboini
Autor	ELISA RIBEIRO DAMO
Orientador	NELSON JURANDI ROSA FAGUNDES

## "Correlação entre diversidade da dieta e área de distribuição para serpentes da tribo Pseudoboini"

## Elisa Ribeiro Damo Prof. Dr. Nelson Jurandi Rosa Fagundes Universidade Federal do Rio Grande do Sul

As adaptações alimentares desenvolvidas pelas serpentes permitiram o surgimento de uma grande diversidade biológica, incluindo espécies de distribuição tanto ampla quanto restrita. O objetivo deste trabalho é determinar a relação entre diversidade filogenética e taxonômica da dieta e área de distribuição geográfica das serpentes da tribo Pseudoboini. Nossa hipótese é que espécies mais generalistas possuem menor dependência de presas específicas podendo, assim, ocupar uma distribuição geográfica maior. Para testar tal hipótese, foram realizadas regressões lineares corrigidas para filogenia tendo a área de distribuição como variável resposta e as diversidades taxonômica e filogenética da dieta como as variáveis preditoras. Como forma de controle, foram utilizadas variáveis de habitat e micro-habitat nos modelos, sendo todas as análises executadas em pacotes específicos em linguagem R. As áreas de distribuição foram calculadas através do método do Polígono Convexo Mínimo, utilizando as coordenadas depositadas no Sistema Global de Informação sobre Biodiversidade (GBIF) para os espécimes tombados pertencentes a cada espécie de Pseudoboini. Para o cálculo das diversidades da dieta, foi feita, com base em dados da literatura, a contagem do número de itens alimentares registrados para cada espécie. A diversidade taxonômica da dieta foi representada pelo Número Efetivo de Espécies, calculado a partir do Índice de Shannon, enquanto a diversidade filogenética da dieta foi calculada utilizando o método da Distância Filogenética Média. Ao todo, foram obtidos os dados de dez espécies da tribo Pseudoboini. Sete modelos de regressão linear foram gerados, sendo um modelo nulo e seis modelos com variáveis preditivas, que foram comparados utilizando o Critério de Informação de Akaike de segunda ordem. Apenas os modelos com a diversidade taxonômica e a filogenética como únicas variáveis preditivas foram estatisticamente significativos (p=0,029 e p=0,003, respectivamente), sendo também os melhores modelos (p=0,016). Em ambos os casos as correlações foram positivas, suportando, assim, a hipótese deste trabalho.