



FILOGENIA MULTILOCUS DAS TOUTINEGRAS DA MADEIRA (AVES:PASSERIFORMES:PARULIDAE)

Alice Lemos Costa^{1*}, Cassiane Furlan Lopes¹, Pâmela Giordani Vielmo², José Ricardo Inacio Ribeiro³, Anália Del Valle Garnero³

¹ Bióloga. Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel – RS.

² Bióloga. Graduada do Curso de Ciências Biológicas Licenciatura, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel – RS.

³ Dr(a). Professor(a) do Magistério Superior, Universidade Federal do Pampa, Campus São Gabriel – RS.

E-mail primeiro autor: alicelemoscosta14bio@gmail.com

A diversidade biológica da Classe Aves é objeto para estudos filogenéticos, e a Ordem Passeriformes possui cerca de 60% de todas as espécies aviárias descritas. A família Parulidae (Aves: Passeriformes) conta com aproximadamente 119 espécies, contemplando algumas controvérsias em relação aos seus relacionamentos taxonômicos internos. Possui duas classificações divergentes: *sensu* Lovette et al. (2010) com a primeira descrição de um clado monofilético ao grupo; e *sensu* Barker et al. (2015) com a inclusão de Mitrospingidae a Parulidae. Assim, este estudo teve como premissa a construção de cladogramas com marcadores moleculares - dois nucleares ACO1 e MB2; e dois mitocondriais CYTB e ND2 – que expressem as relações filogenéticas da família Parulidae. A escolha dos marcadores ocorreu de acordo com a heterogeneidade das taxas de mutação para os genes, utilizando a busca blast do GenBank. Realizamos o alinhamento das sequências em CodonCode Aligner v. 3.7 com a função Muscle. Os genes foram particionados em códons em posição 1, 2 e 3 e alisados individualmente e de forma combinada. Os melhores modelos para cada gene e suas partições foram selecionados em MrModeltest v. 2.3. Realizamos análises de Parcimônia em TNT v.1.5, Máxima Verossimilhança em RAxML v.1.5 e Inferência Bayesiana em MrBayes v.3.2, implementando em todas o suporte *bootstrap*. Optamos pela topologia bayesiana com o comprimento de ramos para apresentar nossos achados. O conjunto de dados moleculares conteve uma matriz com 4.238 caracteres com 108 espécies, onde 5 eram não parulídeos e 4 pertenciam a Mitrospingidae. A topologia da árvore de consenso estrito mais parcimoniosa conteve o maior número de politomias entre os ramos, já as de topologias de verossimilhança e bayesiana mantiveram as maiores convergências e o maior número de bifurcações entre os ramos. Parulídeo apresentou um clado monofilético contendo 18 gêneros: *Seiurus*, *Helmitheros*, *Vermivora*, *Oreothlypis*, *Protonotaria*, *Limnothlypis*, *Mniotilta*, *Leiostyris*, *Leucopeza*, *Oporornis*, *Geothlypis*, *Myioborus*, *Myiothlypis*, *Basileuterus*, *Cardellina*, *Parkesia*, *Catharopeza* e *Setophaga*; dos quais 14 eram concomitantes *sensu* Lovette et al. (2010). No entanto, integrando o grupo externo, as quatro espécies de Mitrospingidae que haviam sido sugeridas por Barker et al. (2015) se

relacionaram como não parulideos. Nossos achados auxiliaram na elucidação dos principais relacionamentos internos da família Parulidae, sugerindo uma nova classificação.

Agradecimentos: Os autores agradecem a CAPES pelas bolsas de Mestrado concedidas e a UNIPAMPA.

Palavras-chave: Biologia Evolutiva; DNA nuclear; DNA mitocondrial.