ANÁLISE DE CONGRUÊNCIA ENTRE DADOS MORFOLÓGICOS, ECOLÓGICOS E MOLECULARES DE ANFÍBIOS E RÉPTEIS

Kátia Kaori Matsushita (PIC), Henrique Ortêncio Filho (Orientador). E-mail: ra139107@uem.br

Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Biológicas, Maringá, PR.

Área e subárea do conhecimento: Ciências Biológicas/ Zoologia

Palavras-chave: Herpetologia; Filogenia; Morfometria.

RESUMO

A taxonomia integrativa combina dados complementares para delimitar a diversidade e inferir relações evolutivas. Neste estudo, o objetivo foi avaliar a correspondência de dados ecológicos, morfométricos e moleculares de anfíbios e répteis entre os clados filogenéticos. Os resultados revelaram diferentes graus de congruência: em lagartos, a morfometria apresentou maior correspondência com a filogenia; em anfíbios, os agrupamentos morfométricos mostraram baixa congruência, enquanto os dados ecológicos distinguiram os principais grupos; e, em serpentes, Viperidae e Elapidae agruparam-se ecologicamente apesar de não serem grupos-irmãos na filogenia, sugerindo convergência evolutiva do aparato de inoculação de veneno. Esses resultados reforçam a importância da abordagem integrativa para compreender padrões de diversidade e evolução.

INTRODUÇÃO

A herpetologia reúne o estudo de anfíbios e répteis e fornece dados relevantes para ecologia, evolução e conservação, especialmente em regiões de alta biodiversidade, como a Mata Atlântica (Vitt e Caldwell, 2014). Coleções zoológicas constituem importantes fontes de dados morfológicos e moleculares, disponibilizados em acervos físicos e bases digitais; A taxonomia integrativa utiliza perspectivas complementares, como morfometria, genética e ecologia, reduzindo o risco de diagnósticos baseados em caracteres isolados (Dayrat, 2005). Assim, o objetivo foi testar a correspondência entre clados obtidos de sequências de DNA e agrupamentos derivados de dados morfoecológicos em anfíbios e répteis da coleção do Laboratório de Zoologia da UEM.

MATERIAIS E MÉTODOS

Coleta de medidas morfométricas: A amostragem morfométrica compreendeu espécimes depositados na coleção zoológica do Laboratório de Zoologia da UEM, coletando de quatro a dez indivíduos em bom estado de conservação por espécie, com auxílio de um paquímetro digital de 150mm. Ao todo, foram medidos 204

exemplares, com parâmetros baseados em artigos específicos de morfometria de anuros, lagartos e serpentes. As análises estatísticas foram realizadas no software PAST (Hammer et al., 2001), incluindo PCA e análises de agrupamento (UPGMA), utilizando distância Euclidiana para variáveis morfométricas e distância de Gower para dados ecológicos.

Coleta de dados ecológicos: Os dados ecológicos, como hábitat, modo de vida, dieta, entre outros, foram retirados de banco de dados como o *AmphibiaWeb* (https://amphibiaweb.org/) e o *Reptile Database* (http://www.reptile-database.org/), além da literatura, submetidos a testes estatísticos, assim como as análises morfométricas.

Coleta de dados moleculares: Sequências de DNA foram obtidas do GenBank (https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/) e organizadas em arquivos FASTA, utilizados no software MEGA (Kumar et al., 2018) para reconstruções filogenéticas. Foram selecionadas duas sequências de origem mitocondrial (COI e CytB), com rápida taxa de evolução e eficientes na resolução de relações periféricas, e uma de origem nuclear (RAG1), que confere maior estabilidade à arquitetura interna da árvore por sua taxa de evolução mais lenta e conservada. As filogenias foram geradas pelo método de máxima verossimilhança, com suporte de nós avaliado por 1.000 réplicas de bootstrap no MEGA.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise morfométrica

Nos três grupos, PC1 e PC2 mantiveram padrões semelhantes: em anfíbios, PC1 correspondeu a 96% (tamanho rostro-cloacal e dos membros posteriores) e PC2 a 1,5% (proporcionalidade relativa do corpo); em lagartos, PC1 = 96% e PC2 = 1,7%; em serpentes, PC1 = 86% e PC2 = 13%. Contudo, os dendrogramas de similaridade morfométrica revelaram graus distintos de congruência com a filogenia: em anfíbios, famílias diferentes apareceram entremeadas, sem recuperação de agrupamentos monofiléticos, indicando baixa congruência entre forma corporal e história evolutiva, provavelmente por convergência morfológica associada a nichos compartilhados. Em lagartos, o dendrograma recuperou clados quase monofiléticos por família (e.g., Teiidae+Iguanidae, Scincidae+Gekkonidae), evidenciando conservação de nicho morfológico. Em serpentes, a mescla entre Colubridae e Dipsadidae era esperada, dado o desmembramento taxonômico recente entre as duas famílias, enquanto Viperidae tendeu a formar agrupamentos mais discretos.

Assim, as famílias foram separadas pelo tamanho corporal (PC1) e diferenciadas pela robustez relativa (PC2) em todos os grupos, mas apenas em lagartos essa separação correspondeu de forma consistente à filogenia molecular. Em anfíbios, e em menor grau em serpentes, o agrupamento morfométrico não refletiu as relações filogenéticas entre famílias.

Análise ecológica

No grupo dos anfíbios, os resultados da PCA apontaram que cerca de 80% (PC1 e PC2) da variabilidade entre as espécies pode ser explicada pelo modo reprodutivo, modo de oviposição, sítio de canto e desova, possivelmente associados à ampla variedade de características reprodutivas do grupo, com divergência principalmente entre as famílias de Anuros e as de Apoda e Caudata. Para os lagartos, PC1 e PC2 explicaram conjuntamente cerca de 66% da variância, sendo o uso vertical do habitat, a alimentação e o grau heliotérmico as principais características diferenciadoras. Gekkonidae e Diploglossidae separaram-se bem do restante devido à utilização especializada de habitats, enquanto Iguanidae, Tropiduridae e Polychrotidae ficaram sob forte influência do uso vertical do habitat.

Já as serpentes, o tipo de dentição, presença de peçonha e fosseta loreal, corresponderam a cerca de 66% (PC1) da variação. Viperidae e Elapidae situaram-se no extremo positivo da PC1, associadas ao aparato de inoculação de veneno, enquanto Boidae ficou no extremo oposto, associada a hábitos constritores. O dendrograma ecológico reforça esse padrão, agrupando Viperidae e Elapidae em um mesmo bloco, distinto de Typhlopidae, Boidae, Dipsadidae e Colubridae, famílias sem aparato frontal de inoculação de veneno. Esse resultado é notável por não corresponder à filogenia molecular: Elapidae e Viperidae não são grupos-irmãos na árvore obtida, o que sugere convergência evolutiva do sistema de inoculação de veneno em linhagens distantes

Análise molecular

De acordo com os dados presentes no AmphibiaWeb, as relações entre as famílias de Anuros encontram-se em politomia não resolvida, portanto para uma construção filogenética razoável, a partir dos dados coletados, é preciso que: Hylidae e Leptodactylidae formem agrupamentos monofiléticos distintos, e Rana não esteja aninhada em Hyloidea. Essa relação foi encontrada na árvore concatenada das três sequências moleculares, com Caudata como *outgroup*, sendo a que mais se aproximou da filogenia de referência. Para os lagartos, a filogenia mais adequada às informações da literatura, estabeleceu-se na concatenação das duas sequências mitocondriais, na qual os gêneros pertencentes ao clado Iguania permaneceram agrupados, Scincidae e Teiidae organizaram-se como grupo-irmão, e Gekkota ficou consolidada na posição mais basal.

Da mesma forma, o grupo das serpentes foi melhor organizado na árvore construída apenas com COI e CytB, na qual Typhlopidae encontra-se como táxon mais basal, Boidae sendo o segundo agrupamento mais basal e monofilético, Viperidae e Elapidae também monofiléticos separadamente e espécies da família Colubridae formando um bloco coeso. Essa relação evidencia que o agrupamento conjunto de Viperidae e Elapidae observado na análise ecológica não reflete proximidade filogenética real, mas convergência funcional ligada à evolução independente do aparato de inoculação de veneno nessas duas linhagens.

CONCLUSÕES

Em síntese, os resultados indicam graus distintos de congruência entre filogenia molecular e agrupamentos morfoecológico. Em lagartos, a congruência foi praticamente total, com a morfometria recuperando clados quase monofiléticos por família. Em anfíbios, foi nula na morfometria, com famílias entremeadas nos dendrogramas, e apenas parcial na ecologia. Em serpentes, o achado mais relevante foi a incongruência entre filogenia e ecologia: Viperidae e Elapidae, agruparam-se de forma consistente na análise ecológica, sugerindo convergência evolutiva do aparato de inoculação de veneno. Esse padrão reforça o valor da taxonomia integrativa, já que caracteres isolados podem levar a interpretações equivocadas sobre parentesco. Apesar das limitações amostrais, os dados indicam a necessidade de ampliar a amostragem de linhagens peçonhentas e não peçonhentas para testar a robustez desse padrão de convergência.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao Prof. Dr. Rodrigo de Mello pela valiosa orientação, dedicação e incentivo acadêmico fornecidos de forma contínua ao longo de todo o desenvolvimento deste trabalho. Agradeço também ao Laboratório de Zoologia da UEM e à técnica Dra. Suzana de Paiva pela troca de conhecimento e auxílio durante a pesquisa.

REFERÊNCIAS

DAYRAT, B. Towards integrative taxonomy. **Biological Journal of the Linnean Society**,], v. 85, n. 3, p. 407–415, jul. 2005. Disponível em: https://academic.oup.com/biolinnean/article-abstract/85/3/407/2691659. Acesso em: 26 jun. 2026.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. Paleontological statistics software: Package for education and data analysis. **Palaeontologia Electronica**, n. 4, 2001. Disponível em: https://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm. Acesso em: 3 ago. 2026.

KUMAR, S.; STECHER, G.; LI, M.; KNYAZ, C.; TAMURA, K. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. **Molecular Biology and Evolution**, v. 35, n. 6, p. 1547-1549, 2018. Disponível em: https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/29722887/. Acesso em: 3 de ago. 2026.

VITT, Laurie J.; CALDWELL, Janalee P. **Herpetology**: an introductory biology of amphibians and reptiles. 4. ed. San Diego: Academic Press, 2014.