

**Anamaria Achtschin Ferreira**  
UnUCET  
Universidade Estadual de Goiás  
iaatchin@yahoo.com.br

**Carlos Eduardo Anunciação**  
Instituto de Ciências Biológicas  
Universidade Federal de Goiás

**Roberto Brandão Cavalcanti**  
Instituto de Ciências Biológicas  
Universidade de Brasília



UNIVERSIDADE ESTADUAL DE GOIÁS  
PRÓ-REITORIA DE PESQUISA E PÓS-GRADUAÇÃO  
Endereço: BR-153 – Quadra Área  
75.132-903 – Anápolis – revista.prp@ueg.br

Coordenação:

GERÊNCIA DE PESQUISA

Coordenação de Projetos e Publicações

Recebido em: 01/02/2013

Avaliado em: 20/02/2013

Publicação: 30 de Outubro de 2013

## DIVERSIDADE GENÉTICA DE *ANTILOPHIA GALEATA* (LICHTENSTEIN, 1823) (PASSERIFORMES, PIPRIDAE) EM MATAS DE GALERIA DO BIOMA CERRADO

Genetic diversity of *Antilophia galeata* (Lichtenstein, 1823)  
(Passeriformes, Pipridae) in gallery forests of the Cerrado biome

### RESUMO

O Cerrado é uma dos maiores biomas do continente sul americano, porém grande parte de sua área vem sofrendo antropização. Consequentemente, espécies mais exigentes com relação às condições ambientais, como *Antilophia galeata*, endêmica de habitats florestais de Cerrado, podem ficar ilhadas em remanescentes naturais. Utilizando técnicas de DNA *fingerprinting* o objetivo deste trabalho foi determinar e comparar a diversidade genética de populações de *A. galeata* em matas de galeria do Estado de Goiás e Distrito Federal. Constatamos que em um dos remanescentes de mata no Distrito Federal, a população apresentou um elevado coeficiente de compartilhamento (Riacho Fundo = 0,348), comparável a um grau de parentesco entre avós e meio irmãos e filhos e pai ou filhos e mãe, indicando a ocorrência de um processo de endogamia. Certamente o fator diferenciador dos demais fragmentos com baixo coeficiente de compartilhamento, em relação ao Riacho Fundo, é a interligação entre matas que possivelmente compense deficiências em tamanho e pressão antrópica.

**Palavras-Chave:** Conservação, Endogamia, fragmentação, desmatamento

### ABSTRACT

The Cerrado is one the biggest biome of the South American continent, but much of its area has suffered from human disturbance. As a result, species that are more demanding about their environmental conditions, such as *Antilophia galeata*, endemic forest habitats of the Cerrado can be isolated in the natural environment that was left remaining. Making use of DNA fingerprinting techniques the goal of this work was to determine and compare the genetic diversity of the populations of *Antilophia galeata*, in the gallery forest of the State of Goiás and the Federal District. It was possible to verify that one of the gallery forest remainings on the Federal District, the population of *A. galeata* presented a really high sharing coefficient (Riacho Fundo = 0,348), comparable to a degree of kinship between grandparents and half-brothers and children and father or children and mother, which indicates the occurrence of an in-mating process. Certainly the differentiating of other fragments with low sharering coefficient, compared to Riacho Fundo, is the interconnection between forests that possibly compensate deficiencies in size and anthropogenic pressure.

**Keywords:** Conservation, endogamy, fragmentation, deforestation

## 1. INTRODUÇÃO

O Cerrado é uma dos maiores biomas deste continente, estendendo-se do sul do Brasil até a bacia do rio Amazonas (FERRI, 1977; MOTTA et al., 2002, SILVA; BATES, 2002; AB'SÁBER, 2003; KLINK; MACHADO, 2005). É um tipo de vegetação com características xeromórficas (OLIVEIRA-FILHO et al., 1989), centrada no platô do Brasil Central, com manchas isoladas ao norte da bacia do rio Amazonas (RIBEIRO; WALTER, 1998). Toda essa extensão cobre aproximadamente 20% de todo o país (ALVIM, 1954; EITEN, 1972; OLIVEIRA-FILHO et al., 1989; RATTER; DARGIE, 1992; Felfili; SILVA Jr., 1993), o que representa aproximadamente 1,5 milhão de km<sup>2</sup> (ALVIM; ARAÚJO, 1952; FERRI, op. cit.; GOODLAND, 1971) a 2 milhões de km<sup>2</sup> (AB'SABER, 1971; OLIVEIRA-FILHO; RATTER, 1995), perdendo em extensão apenas para a floresta amazônica, com 3,5 milhões de km<sup>2</sup> (AB'SABER, 1977; FURLEY; RATTER, 1988; RATTER; DARGIE, 1992; Felfili; SILVA JR., 1993; RIBEIRO; WATER, 1998).

Várias estimativas de conversão dos ambientes naturais do Cerrado pela ação humana têm sido feitas, estimativas estas variando entre 35% (CAVALCANTI, 1999), 40% (SANO et al., 2010), 37 a 50%, (RATTER; DARGIE, 1992; SILVA, 1995), até de 55% (MACHADO et al., 2004). O Estado de Goiás (GO) e o Distrito Federal (DF), no centro do bioma Cerrado, são representativos destes registros de desmatamento e análises utilizando técnicas de geoprocessamento, em uma área de amostragem no DF, indicam cerca de 43% de ambientes preservados, porém com 92% de fragmentos com área menor que 2,3 ha (FERREIRA, 2001).

Como consequência desta conversão dos ambientes naturais do Cerrado, espécies mais exigentes com relação às condições ambientais podem ficar ilhadas em remanescentes de ambientes naturais em uma matriz de ambientes degradados. *Antilophia galeata* (LICHTENSTEIN, 1823) (Família Pipridae), típica de matas de galeria (SICK, 1995) é dependente de habitats florestais (SILVA, 1995; SILVA; BATES, 2002), ou seja, cerradão, mata de galeria e matas secas, sendo também considerada endêmica (SILVA; BATES 2002). Segundo Marini (1992), *A. galeata* apresenta uma distribuição única no Brasil sul-central, em capões, mata, terreno pantanoso, buritizais e matas de galeria.

Muitas tentativas têm sido feitas para incorporar perspectivas geográficas aos métodos de estudos de variação de DNA (BERTORELLE; BARBUJANI, 1995). Estudos de variação genética em fragmentos pequenos e isolados podem gerar oportunidades para assessorar o efeito de processos pertinentes à diferenciação populacional (SLATKIN, 1989) ou até mesmo para a conservação genética (DEGNAN, 1993). Estas diferenças encontradas entre subpopulações podem levar a planejamentos de estratégias conservacionistas

diferentes, caso a tomada de decisão seja feita localmente ao invés de regionalmente, como por exemplo a implantação ou manutenção de corredores entre reservas ou a translocação de indivíduos, potencializando um menor nível de endogamia.

A disponibilidade de marcadores moleculares tem permitido diversos estudos abordando a genética quantitativa (JANGARELLI; EUCLYDES, 2008). Em especial, o DNA fingerprinting é um procedimento rápido, útil para avaliar as diferenças genéticas em grande número de sítios de DNA através do genoma de uma população animal (JEFFREYS, 1987; ZHU et al., 1996). A relação entre conjuntos de genes e endocruzamento é refletida no padrão de bandas encontrado no DNA com padrão de herança mendeliano (GRUNDER et al., 1994). Kuhnlein et al. (1990) mostraram que as frequências de bandas e frequências alélicas estimadas com o uso de DNA fingerprints foram altamente relacionadas ao coeficiente de endocruzamento de uma maneira linear, assim como o coeficiente de compartilhamento de bandas (BS) (ZHU, 1996). O conhecimento de informações sobre o DNA de representantes de uma biota permite diagnosticar a estruturação genética da população, o que pode ser utilizado para inferências conservacionistas (SANTOS et al., 2002). Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar e comparar a diversidade genética de populações de *Antilophia galeata*, típica de matas do Brasil Central e endêmica do Cerrado.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### Área de estudo

Foram selecionadas matas de galeria, duas delas no DF e uma no Estado de Goiás:

**Ribeirão Sobradinho:** localizada na cidade satélite que leva o mesmo nome, nas coordenadas 15°39'06" S e 47°48'17" W. Encontra-se próxima à malha urbana pavimentada. Apesar de ser a maior área amostrada (1333 ha), é também a mais degradada. O córrego apresenta forte odor, devido ao despejo de esgoto doméstico e de efluente provindo da Estação de Tratamento de Esgotos (ETE-CAESB) nas proximidades. Trilhas e resíduos de lixo caracterizam seu interior.

**Rio Vermelho:** pertence à FLONA (Floresta Nacional) de Silvânia, município localizado a aproximadamente 60 km de Goiânia. A mata está situada a 15°38'55"S e 48°31'58"W, com 293 ha. Apesar de estar próxima à malha urbana (cerca de 7 km), esta área encontra-se em bom estado de conservação, já que se insere em uma reserva legal, embora tenha espécies vegetais invasoras e ruídos, inclusive de aparelhos domésticos. De um modo geral, a FLONA é circundada por paisagem rural.

**Riacho Fundo:** localizado nas coordenadas 15°54'26"S e 47°59'56"W, sendo uma área da EMBRAPA com 494 ha de mata. Apesar da forte urbanização nas proximidades, apresenta-se razoavelmente preservada, apesar da existência de trilhas e outros sinais de visitação.

Efetuamos capturas e anilhamento com respectivas autorizações do IBAMA e CEMAVE (Licença nº 404). As capturas foram feitas com 10 redes ornitológicas, com início das atividades por volta das 06h00, ficando as redes abertas durante 6 h consecutivas. Todos os indivíduos capturados foram identificados e anilhados com anilhas metálicas de identificação única cedidas pelo CEMAVE.

Para a padronização da técnica de DNA *fingerprinting* foram coletadas amostras de sangue de *Thamnophilus caeruleus* - Família Thamnophilidae; *Syndactyla dimidiata*, e *Phacellodomus ruber* - Família Furnariidae; *A. galeata* - Família Pipridae; *Schiffornis virescens* - Família Tityridae; *Turdus leucomelas*, *T. albicollis*, *T. rufiventris*, *T. nigriceps* - Família Turdidae; *Saltator similis* e *S. maximus* (Família Thraupidae); e *Arremon flavirostris* (Família Emberizidae). Coletamos aproximadamente 70 µL de sangue, por venicupuntura na veia braquial, utilizando seringas descartáveis de 1 mL. Este volume foi transferido para tubos *eppendorf* com 50 µL de EDTA. Cada *eppendorf* recebeu numeração única, correspondendo à mesma das fichas de campo utilizadas para o registros dos dados. Este material foi estocado em freezer a -20°C para análises posteriores.

A extração de DNA foi feita a partir de 50 µL da amostra de sangue segundo protocolo de lise de Madsen et al. (1992). O DNA extraído foi quantificado, sendo analisada a integridade em gel de agarose. Para a determinação de qual a melhor enzima de restrição para gerar bandas discerníveis pelo padrão do DNA *fingerprinting*, 100 µg de DNA de dois indivíduos de cada ave foram digeridas com as enzimas de restrição Alu, Hae III, Hinf I, Hind III e RSA, eletroforizadas em gel de agarose 0,8% e hibridizada com sonda P<sup>32</sup>M13, segundo a técnica do *southern-blot*. Escolhida a melhor enzima de restrição, o DNA das amostras de sangue *A. galeata* de cada área foram digeridas com Hinf I, eletroforizadas e transferidas para membrana de *nylon*. Como marcador molecular de referência foi usado o DNA do fago λ-Hind III.

Para a hibridização molecular, dois clones (AG9 e AG10) contendo uma sequência de minissatélite de DNA do tipo (GATA)<sub>4</sub> selecionados de um banco de DNA clonado em *PBluescript* de *A. galeata* foram utilizados como sonda. Para a marcação e hibridização, 10 ng de cada clone foram marcados com P<sup>32</sup> utilizando o *primer* Universal, e hibridizado sucessivamente com as sondas segundo Sambrook et al. (1996). As membranas foram expostas a chapas autorradiográficas por até 30 horas, reveladas e as bandas computadas.

Para a análise dos dados foi montada uma matriz de presença/ausência de bandas computadas a partir da autoradiografia relativa às várias populações amostradas nos

fragmentos de matas de galeria caracterizadas por faixa de peso molecular. Foram consideradas bandas entre 23 e 2 kb. O coeficiente de bandas compartilhadas (BS ou *band-sharing*) e as análises de frequência de bandas são estimativas de diversidade, pois bandas com deslocamentos similares em indivíduos diferentes podem ser consideradas alelos idênticos se a diferença no deslocamento entre elas está dentro de um limite de  $\pm 1$  mm (HERMANS et al., 1993). Assim, quanto maior o número de bandas compartilhadas, maior o grau de parentesco ou, em populações, maior será o grau de similaridade genética ou endocruzamento. Gilbert et al. (1994) citam os critérios abaixo:

BS = 0 → indivíduos não relacionados  
 = 0,5 → filhos e pai ou filhos e mãe  
 = 0,25 → avós e meio irmãos  
 = 0,125 → tios e tias  
 = 0,0625 → primos de 1º grau

Desta forma, considerando o princípio de Hardy-Weimberg e cruzamentos casualizados, pode-se estimar a variabilidade genética entre as populações das três áreas com base no índice de bandas compartilhadas entre indivíduos, segundo Dunnington et al. (1991) e Haberfeld et al. (1991), com base na fórmula:

$$S_{xy} = 2n_{xy} / (n_x + n_y) \quad (1)$$

sendo:

$2n_{xy}$  = número de bandas compartilhadas entre cada par de indivíduos

$n_x + n_y$  = número total de bandas em ambos os indivíduos

Considerando ainda o padrão de herança mendeliano das bandas ou alelos, é possível refinar a análise estatística a partir do cálculo da frequência das bandas obtidas. Assim foi calculada a frequência média de bandas ( $\bar{v}_i$ ), possibilitando determinar o índice de variabilidade (V), segundo Kuhnlein et al. (1989). Ademais, calculamos o poder de individualização  $(\sum \bar{v}_i)^m$  do conjunto sonda e DNA, sendo  $m$  = número médio de bandas por indivíduos, ou a probabilidade de dois indivíduos não relacionados terem o mesmo perfil de bandas.

Outra forma de avaliar a diversidade é através do cálculo do valor APD (*average percent of difference*). Foi calculado segundo Ellegren et al. (1992) e Gilbert et al. (1994), computando-se o número de fragmentos diferentes entre dois indivíduos e dividindo-se este valor pelo número de fragmentos presentes nos dois indivíduos. As diferenças no número

médio de bandas foram testadas pelo teste “t” considerando-se um nível de significância de 0,5%.

Finalmente, calculamos a distância genética entre os pares de populações segundo Kunhlein et al. (1989), conforme fórmulas abaixo:

$$D = -\ln(I) \quad (2)$$

$$I = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{2V_i^{(1)}V_i^{(2)}}{[V_i^{(1)}]^2 + [V_i^{(2)}]^2} \quad (3)$$

Sendo:

N = número de bandas nas duas populações

$V_i^{(1)}$  = frequência da banda i na população 1

$V_i^{(2)}$  = frequência da banda i na população 2

### 3. RESULTADOS

Conseguimos informações sobre presença/ausência de bandas em sete indivíduos na população de Riacho Fundo, oito em Rio Vermelho e sete em Ribeirão Sobradinho. As três áreas apresentaram aproximadamente a mesma variabilidade genética, embora Rio Vermelho tenha apresentado um valor ligeiramente mais elevado (0,87) (Tabela 1). Ao analisarmos o desvio-padrão do número médio de bandas, notamos que as três populações apresentaram similaridade quanto a este critério (aproximadamente 50% do número médio de bandas). Examinando o coeficiente de bandas compartilhadas, verificamos que a população do Riacho Fundo apresenta um maior valor para esta variável.

Comparando-se a média de número de bandas em cada população, constatamos diferença significativa entre Rio Vermelho x Riacho Fundo ( $t_{calc} = 2,28$ ; GL = 15;  $t_{crít} = 2,13$ ) e não significativo entre Rio Vermelho x Ribeirão Sobradinho ( $t_{calc} = 1,14$ ; GL = 18;  $t_{crít} = 2,10$ ) e Ribeirão Sobradinho x Riacho Fundo ( $t_{calc} = 1,27$ ; GL = 15;  $t_{crít} = 2,13$ ) (alfa = 5%).

Analisando os dados para estas três áreas, notamos que a população de Riacho Fundo possui menor APD (Tabela 2). Comparando as três áreas tomadas duas a duas, percebemos que a população da mata de galeria de Rio Vermelho possui uma maior diferenciação em relação à do Ribeirão Sobradinho e Riacho Fundo (maior APD) do que entre Riacho Fundo e Ribeirão Sobradinho, que podem ser consideradas populações mais próximas entre si.

Tabela 1 – Resultado das análises a partir da matriz de presença/ausência gerada pelo DNA *fingerprinting* para as matas de galeria de Rio Vermelho, Sobradinho e Riacho Fundo. Pi = Poder de individualização; Pa = probabilidade de 2 indivíduos tomados ao acaso possuam mesmo perfil de bandas; Pr = Probabilidade de 2 indivíduos relacionados exibam o mesmo perfil de bandas; BS = coeficiente de compartilhamento de bandas

| Área         | Média de bandas/lane | Média de bandas/ind. | deVar. genética | Pa                   | Pr                   | Pi                   | BS                  |
|--------------|----------------------|----------------------|-----------------|----------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
| Rio Vermelho | 0,94<br>DP = 1,00    | 11,14<br>DP = 6,61   | 0,87            | $3 \times 10^{-11}$  | $4 \times 10^{-3}$   | $4 \times 10^{-9}$   | 0,177<br>DP = 0,081 |
| Sobradinho   | 1,31<br>DP = 0,88    | 14,88<br>7,85        | 0,83            | $8 \times 10^{-12}$  | $3 \times 10^{-5}$   | $2 \times 10^{-13}$  | 0,141<br>DP = 0,127 |
| Riacho Fundo | 2,45<br>DP = 1,55    | 20,5<br>DP = 10,52   | 0,84            | $5,1 \times 10^{-4}$ | $5,1 \times 10^{-4}$ | $9,9 \times 10^{-6}$ | 0,348<br>DP = 0,10  |

Tabela 2 – Resultado com o APD calculado para as populações de Rio Vermelho, Sobradinho e Riacho Fundo tomadas isoladamente e duas a duas

| Área                        | APD   |
|-----------------------------|-------|
| Rio Vermelho                | 81,13 |
| Sobradinho                  | 80,4  |
| Riacho Fundo                | 60,3  |
| Rio Vermelho x Sobradinho   | 83,53 |
| Rio Vermelho x Riacho Fundo | 85,11 |
| Riacho Fundo x Sobradinho   | 78,36 |

Foi encontrada uma distância genética = 1,66 entre a população de Riacho Fundo e Ribeirão Sobradinho. Entre Rio Vermelho e Riacho Fundo, este valor foi igual a 1,47 e entre Rio Vermelho e Ribeirão Sobradinho foi de 0,97.

#### 4. DISCUSSÃO

Estudos envolvendo aloenzimas têm revelado diferenciação genética mesmo em curtas distâncias dentro de vários grupos de Passeriformes da Amazônia e México. Escalante-Pliego (1991) documentou diferenças substanciais em trabalhos envolvendo isoenzimas entre populações disjuntas de *Geothlypis* na América do Sul e Central e Hackett e Rosenberg (1990) demonstraram pronunciada subdivisão geográfica e diferenciação em *Formicariidae* (SEUTIN, 1993).

Comparando os dados da variabilidade genética, consideramos que as três populações analisadas apresentam valores bastante similares entre si. Foi constatado que as

alterações da matriz ambiental no Planalto Central intensificaram na década de 50 com a construção de Brasília (ALHO; MARTINS, 1995) e, desta forma, podemos supor que estas não atingiram ainda um patamar suficiente para interferir na variabilidade genética destas populações. Podemos supor, ainda, que o período de tempo transcorrido entre as modificações ambientais e estas análises não tenha sido suficiente para que os resultados se expressem neste componente do perfil genético.

Pena; Chakraborty (1994) indicam que, para estudos genéticos envolvendo DNA fingerprinting, assume-se que bandas observadas em gel são alelos de diferentes loci e comportam-se independentemente. Segundo Zhu et al. (1996), a similaridade do DNA fingerprinting entre indivíduos é um bom indicador de endogamia. Segundo Kuhnlein et al. (1990), a frequência de bandas e a frequência alélica estimadas a partir de DNA fingerprints foi altamente correlacionada de maneira linear com o coeficiente de endocruzamento em linhagens de galinhas. O coeficiente de compartilhamento de bandas foi também correlacionado ao endocruzamento, embora em um padrão não linear.

Desta forma, este coeficiente foi usado como uma estimativa da endogamia entre as várias áreas. Se compararmos os valores encontrados para o coeficiente de bandas compartilhadas, podemos perceber que a população do Riacho Fundo apresenta um valor bem mais elevado (quase o dobro das outras duas áreas). Baseando-nos no elevado coeficiente de correlação e a endogamia obtido por outros autores, pudemos supor que esta área apresenta um teor mais elevado para esta variável. Correlacionando os dados de Gilbert et al. (1994) com as populações analisadas de *Antilophia galeata*, aquela que pertence à mata de galeria do Rio Vermelho e Ribeirão Sobradinho apresentaram coeficiente de compartilhamento de bandas em torno do patamar para populações com indivíduos com grau de parentesco próximo a tios e tias (Rio Vermelho = 0,177 e Ribeirão Sobradinho = 0,141), porém a população do Riacho Fundo apresentou um coeficiente de compartilhamento bastante superior (0,348) que estaria entre populações com indivíduos com grau de parentesco entre avós e meio irmãos e filhos e pai ou filhos e mãe. Os efeitos negativos do endocruzamento têm sido observados em populações de animais silvestres e as interações entre genes e ambiente são bastante complexas, evidenciando a importância do entendimento das condições nas quais a variação genética foi estabelecida (VAN NOORDWIJK et al., 1981).

Considerando-se que uma das razões para a endogamia seja o isolamento da população (MCQUILLAN et al., 2008), e que a área apresenta elevado grau de antropização (vide área de estudo), os dados sugerem que esta população pode já estar sofrendo as consequências do isolamento, assim como a população do Ribeirão Sobradinho (74%) e em



menor proporção a população do Rio Vermelho 52%. Este isolamento pode ocorrer em decorrência da necessidade de um maior deslocamento para que a migração entre áreas ocorra com sucesso. Os dados obtidos sugerem que a população de Riacho Fundo está em processo de endogamia, embora não se possa afirmar que seja em função da matriz ambiental existente ou por processos anteriores às alterações atuais.

Gilbert et al. (1994) usa o APD para quantificar a diversidade genética de populações, porque este valor varia de forma diretamente proporcional à heterozigidade média da população e para estimativa de parentesco, usa o percentual médio de similaridade =  $100 - \text{APD}$ . Analisando Columbiformes, Miyamoto et al. (1994) citam que, comparando-se pares de indivíduos, o valor esperado é igual ou superior a 70% para indivíduos não relacionados e 50% para parentes de primeiro grau. Como regra geral, aves comumente exibem menos divergência genética que outras classes de vertebrados (AVISE; ZINK, 1988). Ainda assim, foi possível diferenciar as três populações analisadas. Considerando-se os resultados encontrados, a população de Riacho Fundo apresenta um menor percentual de diferença intrapopulacional, se comparada com Rio Vermelho e Sobradinho. Ao compararmos as áreas tomadas duas a duas, a população de Rio Vermelho x Sobradinho apresenta um percentual de diferença maior que as combinações entre Sobradinho e Riacho Fundo. Se tomarmos este índice como passível de mensurar a diversidade genética, podemos considerar que Riacho Fundo, embora não seja o fragmento de menor área, possui a mata mais isolada, o que foi observado em estudo envolvendo técnicas de sensoriamento remoto. Rio Vermelho e Sobradinho estão mais interligadas com outras matas nas proximidades, que podem funcionar como possíveis fontes colonizadoras.

Um número crescente de estudos tem focado populações em ambientes fragmentados, pois esta condição subdivide populações em unidades menores, sujeitas a riscos demográficos e genéticos (SJÖGREN; WYÖNI, 1994). As consequências de habitar locais fragmentados são de importância fundamental para ecologistas e conservacionistas, principalmente no que concerne às consequências genéticas destas ocorrências para as várias populações residentes.

Quando a espécie decai para o patamar de status vulnerável/rara uma das causas é que a população era originalmente grande e contínua e foi reduzida a fragmentos pequenos e isolados (IUCN, 2001). Em tais situações a população pode ser alvo de mudanças, mesmo se as causas de declínio originais forem interrompidas, como caça excessiva e destruição ambiental. As várias causas que fazem com que uma população pequena esteja sujeita a variações estocásticas, como variação ambiental, eventos catastróficos, deriva genética e

endogamia podem ter um efeito de retroalimentação negativa, levando a população rapidamente à extinção (PEREIRA, 1996).

## 5. CONCLUSÕES

Este estudo demonstrou que, considerando a variabilidade genética, não existem diferenças significativas entre as três populações analisadas. De acordo com o coeficiente de bandas compartilhadas e o APD, foi possível perceber que a população de Riacho Fundo encontra-se bastante diferenciada em relação àquelas de Rio Vermelho e Ribeirão Sobradinho. Certamente o fator diferenciador é a interligação entre matas que possivelmente esteja compensando deficiências em tamanho e pressão antrópica.

Existe a possibilidade de que os processos de fragmentação possam estar causando efeitos nocivos a subpopulações de *Antilophia galeata* com relação ao caráter endogamia, que pode estar aumentado em alguns fragmentos mais isolados em relação aos demais.

## 6. AGRADECIMENTOS

Ao CNPq pela bolsa de doutorado concedida, o que permitiu o desenvolvimento desta pesquisa.

## 7. REFERÊNCIAS

- AB'SABER, A. N. A organização natural das paisagens inter e subtropicais brasileiras. 1-14. In: Ferri, M. G. [Coord] III Simpósio sobre o cerrado. Editora Edward Blücher Ltda/Editora da USP, 1971.
- AB'SABER, A. N. Os domínios morfoclimáticos da América do Sul. Primeira Aproximação. Geomorfologia, 52:1-21, 1977.
- AB'SABER, A. N. **Os domínios de natureza no Brasil: potencialidades paisagísticas**. Ateliê Editorial. São Paulo. 2003
- ALHO, C. J. R.; MARTINS, E. S. [Eds]. **De Grão em Grão o Cerrado Perde o Espaço**. WWF. 66pp. 1995.
- ALVIM, P. T. Teoria sobre a formação dos campos cerrados. Revta. Brasil. Geogr., 16(4):96-98, 1954.
- ALVIM, P. T.; ARAÚJO, W. A. El suelo como factor ecológico el desarrollo de la vegetación en el centro-oeste del Brasil. Turrialba, 2(4), 153-160, 1952.
- AVISE, J. C.; ZINK, R. M. Molecular genetic divergence between avian sibling species: king and clapper rails, long-billed and short-billed dowitchers, boat-tailed and great-tailed grackles, and tufted and black-crested titmice. The Auk, 105:516-528, 1988.

- BERTORELLE, G.; BARBUJANI, G. Analysis of DNA diversity by spatial autocorrelation. *Genetics*, 140:811-819, 1995.
- CAVALCANTI, R. B. Bird species richness and conservation in the cerrado region of central Brazil. *Studies in Avian Biology*, 19:244-249, 1999.
- DEGNAN, S. M. Genetic variability and population differentiation inferred from DNA fingerprinting in silvereyes (Aves: Zosteropidae). *Evolution*, 47(4):1105-1117, 1993.
- DUNNINGTON, E. A.; GAL, O.; PLOTSKY, Y.; HABERFELD, A.; KIRK, T.; GOLDBERG, A.; LAVI, U.; CAHANER, A.; SIEGEL, P. B.; HILLEL, J. DNA fingerprints of chickens selected for high and low body weight for 31 generations. *Anim. Genetics*, 24:247-257, 1991.
- EITEN, G. The cerrado vegetation of Brazil. *Bot. Rev.*, 38(2):201-341, 1972.
- ELLEGREN, H.; ANDERSSON, L.; HOHANSSON, M.; SANDBERG, K. DNA fingerprinting in horses using a simple (TG)<sub>n</sub> probe and its application to population comparisons. *Animal Genetics*, 23:1-9, 1992.
- ESCALANTE-PLIEGO, B. P. Genetic differentiation in yellowthroats (Parulinae: Geothlypis). *Acta XX Congressus Internationalis Ornithologici*. Christchurch, New Zealand. P 333-343, 1991.
- FELFILI, J. M.; SILVA JR, M. C. A comparative study of cerrado (*sensu stricto*) vegetation in Central Brazil. *Journal Trop. Ecol.*, 9:227-289, 1993.
- FERREIRA, A. A. Dinâmica de comunidades de aves em matas de galeria. 1995. Dissertação de Mestrado. Programa de Pós-Graduação em Ecologia. UnB.
- FERRI, M. G. Ecologia dos cerrados. In: *Simpósio sobre o cerrado*, Belo Horizonte, Itatiaia e São Paulo. Editora USP. 15-36, 1977.
- FURLEY, P. A.; RATTER, J. A. Soil resources and plant communities of the central Brazilian cerrado and their development. *J. Biogeogr.*, 15:97-108, 1988.
- GILBERT, D. A.; PACKER, C.; PUSEY, A. E.; STEPHENS, J. C.; O'BRIEN, S. J. Analytical DNA fingerprinting in lions: parentage, genetic diversity, and kinship. *Journal of Hered.*, 82:378-386, 1994.
- GOODLAND, R. A physiognomic analysis of the 'cerrado' vegetation of central Brazil. *J. Eco.*, 59:411-419, 1971.
- GRUNDER, A. A., SABOUR, M. P. E GAVORA, J. S. Estimates of relatedness and inbreeding in goose strains from DNA fingerprints. *Animal Genetics*, 25:81-88, 1994.
- HABERFELD, A., CAHANER, A., YOFFE, O., PLOTSKY, Y. E HILLEL, J. DNA fingerprints of farm animals generated by microsatellite and minisatellite DNA probes. *Animal Genetics*, 22:299-305, 1991.
- HACKETT, S. J.; ROSENBERG, K. Comparisons of phenotypic and genetic differentiation in South American antwrens (Formicariidae). *Auk* 107:473-489, 1990.
- HERMANS, I. F., MORRIS, C. A., CHAMBERS, G. K., TOWERS, N. R. E JORDAN, T. W. Assessment of DNA fingerprinting for determining diversity in sheep populations. *Animal Genetics*, 24:385-388, 1993.

IUCN. Red List Categories and Criteria version 3.1. 2001. Disponível em: <<http://www.iucnredlist.org/technical-documents/categories-and-criteria>> Acesso em: 01 dez 2013.

JANGAERLLI, M.; EUCLYDES, R. F. Endogamy and its selection limit in populations under assisted selection by molecular markers. *Arq. Bras. Med. Vet. Zootec.*, 60(6):1493-1501, 2008

JEFFREYS, A. J. Highly variable minisatellites and DNA fingerprints. *Bioch. Soc. Trans.*, 15:309-317, 1987.

KUHNLEIN, U., DAWE, Y., ZADWORN, D. DAWE, E GAVORAS, J. S. DNA fingerprinting – a tool for determining genetic distances between strains of poultry. *Theor Appl Genetic*, 77(5):669-672, 1989.

KLINK, C. A.; MACHADO, R. B. A conservação do Cerrado brasileiro. *Megadiversidade*, 1(1):147-155. 2005.

KUHNLEIN, U., ZADWORN, D., DAWE, Y. FAIRFULL, R. W. E GAVORAS, J. S. Assessment of inbreeding by DNA fingerprinting – a development of a calibration curve using defined strains of chickens. *Genetic*, 125(1):161-165, 1990.

MACHADO, R. B., M. B. RAMOS NETO, P. PEREIRA, E. CALDAS, D. GONÇALVES, N. SANTOS, K. TABOR; M. STEININGER. Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro. *Conservation International do Brasil*, Brasília, 2004.

MCQUILLAN, R.; LEUTENEGGER, A.; ABDEL-RAHMAN, R.; FRANKLIN, C. S.; PERICIC, M.; BARAC-LAUC, L.; SMOLEJ-NARANCIC, N.; JANICIJEVIC, B.; POLASEK, O.; TENESA, A.; MACLEOD, A. K.; M. FARRINGTON, S. M.; RUDAN, P.; HAYWARD, C.; VITART, V.; RUDAN, I.; WILD, S. H.; DUNLOP, M. G.; WRIGHT, A. F.; CAMPBELL, H.; F. WILSON, J. F. Runs of Homozygosity in European Populations. *The American Journal of Human Genetics* 83, 359–372, 2008.

MADSEN, L. S.; HOAR, D. I.; HOLROYD, C. D.; CRISTI, M.; HODES, M. E. DNA banding: the effects of storage of blood and isolated Dna on integrit of DNA. *American Journal an Medicie Gente*, 27: 379-90, 1992.

MARINI, M. A. Seleção de habitat e socialidade em *Antilophia galeata* (Aves - Pipridae). *Condor* 94(1):151-158. 1992.

MIYAKI, C. Y., HANOTTE, O., WAJNTAL, A.; BURKE, T. Characterization and applications of DNA fingerprinting in Brazilian endangered macaws. In: Pena, S. D. J., Ckakraorty, R., Epplen, J. T., Jeffreys, A. J. **DNA fingerprinting: The State of the Science**. Birkhauser Verlag, Basel, pp. 395-401, 1993.

MIYAMOTO, M. M., ALLARD, M. W.; MORENO, J. A. Conservation genetics of the plain pigeon (*Columba inornata*) in Puerto Rico. *Auk*, 111:910-916, 1994.

MOTTA, P. E. F; CURT, N; FRANZMEIER, D. P. Relation os soils and geomorphic surfaces in the Brazilian Cerrado. In: OLIVEIRA, P. S.; MARQUIS, R. J. [ED] **The Cerrados of Brazil**. **Columbia University Press**, 2002.

OLIVEIRA-FILHO, A. T., SHEPHERD, G. J., MARTINS, F. R.; STUBBLEBINE, W. H. Environmental factor affecting physiognomic and floristic variation in an area of cerrado in central Brazil. *Journal of Tropical Ecology*, 5:413-431, 1989.

- OLIVEIRA-FILHO, A. T.; RATTER, J. A. A study of the origin of central brazilian forests by the analysis of plant species distribution patterns. *Edinb. J. Bot.*, 52(2):141-194, 1995.
- PENA, S. D. J., CHAKRABORTY, R. Paternity testing in the DNA era. *TIG*, 10(6):204-209, 1994.
- PEREIRA, S. L., MYIAKI, C. Y.; WAJNTAL, A. DNA fingerprinting in the rare black-fronted piping guan *Pipile jacutinga* (Cracidae, Aves). *Rev. Brasil. Biol.* 56(4):783-791, 1996.
- QUINN T. W., QUINN, J. S., COOKE, F.; WHITE, B. N. DNA marker analysis detects multiple maternity and paternity in single broods o the Lesser Snow Goose. *Nature*, (Lond.), 326:392-394, 1987.
- RATTER, J. A.; DARGIE, T. C. D. An analysis of the floristic composition of 26 cerrado areas in Brazil. *Edinb. J. Bot.*, 49(2):235-250, 1992.
- RIBEIRO, J. F. E WALTER, B. M. T. Fitofisionomia do bioma do Cerrado. In: Sano, S. M. e Almeida, S. P. [Eds] **Cerrado: Ambiente e Flora**. Planaltina - DF - EMBRAPA. 556pp, 1998.
- SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. F.; MANIATS, T. **Molecular Cloning: a Laboratory Manual**. 2<sup>nd</sup> ed., Cold Spring Harbor, NY: Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989.
- SANO, E. E., ROSA, R., BRITO, J. L. S.; FERREIRA, L. L. Land cover mapping of the tropical savanna region in Brazil. *Environ. Monit. Assess.*, 166, 113-124, 2010.
- SANTOS, F. R., GUIMARÃES, P. E. M.; REDONDO, R. A. F. Bancos de DNA: coleções estratégicas para estudos da diversidade. *Lundiana*, 3(2):93-98. 2002.
- SEUTIN, G., WHITE, B. N.; BOAG, P. T. Preservation of avian blood and tissue samples for DNA analysis. *Can. J. Zool.*, 69:82-90, 1991.
- SICK, H. *Ornitologia Brasileira, Uma Introdução*. Brasília. Editora Universidade de Brasília. Vol. 2. 827 pp, 1995.
- SILVA, J. M. C. Birds of the cerrado region, South America. *Steenstrupia*, 2:69-92, 1995.
- SILVA, J. M. C., BATES, J. M. Biogeographic patterns and conservation in the South American Cerrado: a tropical savanna hotspot. *Bioscience*, 52(3): 225-233.
- SJÖGREN, P.; WYÖNI, P-I. Conservation genetics and detection of rare alleles in finite populations. *Conservation Biology*, 8(1):267-270, 1994.
- SLATKIN, M. Detecting small amounts of gene flow from phylogenies of alleles. *Genetics*, 121:609-612, 1989.
- VAN NOORDWIJK, A. J.; VAN BALEN, J. H.; SCHARLOO, W. Genetic variation in the timing of reproduction in the Great Tit. *Oecologia*, 49:158-166, 1981.
- WARKETIN, I. G., CURZON, A. D., CARTER, R. E., WETTON, J. H., JAMES, P. C., OLIPHANT, L. W.; PARKIN, D. T. No evidence for extrapair paternity fertilizations in the merlin released by DNA fingerprinting. *Mol. Ecol.*, 3:229-234, 1994.
- ZHU, J., NESTOR, K. E.; MORITSU, Y. Relationship between band sharing levels of DNA fingerprints and inbreeding coefficients and estimation of true inbreeding in turkey lines. *Poultry Science*, 75:25-28, 1996.

ZHU, J., NESTOR, K. E., PATTERSON, R. A., JACKWOOD, D. J.; EMMERSON, D. A. Measurement of genetic parameters within and between turkey lines using DNA fingerprinting. *Poultry Science*, 75:439-446, 1996.