

Título do Projeto: Integrando bases ecológicas e genômicas da adaptação de lagartos às mudanças climáticas para prever o futuro de populações de formações abertas da Amazônia.

Bolsa Solicitada: Doutorado

Instituição de Ensino: Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA) – Programa de Pós-Graduação em Biologia (Ecologia)

Proponente: Msc. Lidia Farias Martins

Currículo lattes: <http://lattes.cnpq.br/8747542891187878>

End. Profissional: Av. André Araújo, 2936, CEP 69.067-375, Petrópolis, Manaus-AM

Orientador: Dra. Fernanda de Pinho Werneck

Cargo: Pesquisadora Associada **Tipo de Vínculo com a IES:** servidora pública

Currículo lattes: <http://lattes.cnpq.br/0507204139787803>

End. Profissional: Av. André Araújo, 2936, CEP 69.067-375, Petrópolis, Manaus-AM

Introdução

Mudanças climáticas globais, recentes intensificadas por ação antrópica e caracterizadas por aumento da temperatura, alteração nos padrões de precipitação e elevação do nível do mar, já estão causando variações na distribuição, demografia, comportamento e composição genética de diversas espécies (Hoffmann & Sgro 2011, Chambers et al. 2013, Cabrelli et al. 2014). Estima-se que o aumento da temperatura da superfície global será em média de 0,5°C entre os anos de 2016 e 2035 e de 2°C entre 2081 e 2100 (IPCC 2014). Acredita-se que a região tropical será a primeira a sentir os reflexos das mudanças no clima (Huey et al. 2012, Frishkoff et al. 2016, Llewelyn et al. 2016), assim como organismos com hábito de vida ectotérmico, que são mais dependentes de temperaturas ambientais (Urban, 2015). Ainda assim, é difícil prever de forma precisa como as espécies tropicais irão reagir a essas alterações (Winter et al. 2016).

Até o momento, populações naturais estão respondendo ao aumento da temperatura principalmente por meio de deslocamentos para habitats favoráveis, influenciando na composição das comunidades e nas interações com outras espécies (Hoffmann & Sgro 2011). Respostas evolutivas também podem contribuir para

amenizar os impactos nas populações (Deutsch et al. 2008). Contudo, processos adaptativos são geralmente muito lentos comparados à velocidade e magnitude das mudanças ambientais (Chown et al. 2010, Hoffmann & Sgro 2011). Entender qual o potencial adaptativo das espécies nas regiões mais afetadas pelas alterações climáticas e como a capacidade fisiológica dos organismos pode ajudar a amortecer os impactos do aquecimento global ainda é um grande desafio para os pesquisadores (Moritz et al. 2012, Muñoz et al. 2016, Byers et al. 2017), e foco principal do meu projeto de pesquisa de doutorado.

Com o aprimoramento e barateamento das técnicas de sequenciamento de DNA e os avanços no processamento de dados, estudos evolutivos utilizando dados genômicos têm se tornado cada vez mais viáveis. O sequenciamento de inúmeras porções reduzidas com boa representatividade de todo o genoma de um organismo permite a investigação de regiões genômicas com sinais de adaptação a uma determinada mudança ambiental, independente de observações fenotípicas (Hoban et al. 2016). Contudo, é importante avaliar concomitantemente a história demográfica das populações, sua estrutura genética e a biologia da espécie para reduzir falsos positivos (i.e., detecção de sinal de seleção quando esse não existe) e aumentar o poder das inferências baseadas nesses conjuntos de dados (Hoban et al. 2016).

Em geral, prever respostas às mudanças ambientais é ainda mais importante para organismos ectotérmicos como os répteis, por serem altamente dependentes de condições climáticas como temperatura e precipitação. Além de influenciar diretamente no metabolismo e na fisiologia desses organismos, o clima afeta também parâmetros demográficos como a atividade de forrageio, o sucesso reprodutivo e a sobrevivência (Deutsch et al. 2008, Angilletta 2009, Chevin et al. 2010). Utilizando variáveis fisiológicas como preditoras em modelos para inferir a vulnerabilidade em diversas famílias de lagartos, Sinervo et al. (2010) estimaram que 4% das populações de lagartos do planeta já foram extirpadas devido ao aquecimento global. Os autores preveem que, em 2080, as taxas de extinção populacional desses organismos podem atingir até 39%. Em lagartos, até mesmo pequenas variações na temperatura podem restringir severamente o tempo de atividade e, conseqüentemente, reduzir o ganho energético e limitar as taxas de crescimento populacional, aumentando seus riscos de extinção (Huey et al. 2010, Kubisch et al. 2015).

Espera-se que a influência do clima na manutenção das populações seja ainda mais clara para espécies de habitats abertos que precisam responder de forma mais

rápida às alterações na temperatura, visto que essas regiões tendem a ser menos protegidas das flutuações ambientais (Marimon et al. 2014). Na Amazônia, diversos tipos de formações abertas ocorrem com diferentes graus de isolamento entre os ambientes florestais. Tais formações ocupam cerca de 4% da Bacia Amazônica (Anderson 1981) e recebem uma variedade de nomes (e.g. savanas, campinas, campinaranas) de acordo com a região em que estão localizadas, seu histórico de formação e sua composição florística (Pires 1974, Lisboa 1975, RADAMBRASIL 1976, Anderson 1981, Adeney 2009, Ferreira 2009). Esses ecossistemas abertos são caracterizados por gradientes de vegetação herbácea-arbustiva e solos arenosos ou latossolos, pobres em nutrientes, com baixo teor de matéria orgânica e elevada acidez (Adeney et al. 2016, Guimarães & Bueno 2016). Além disso, podem sofrer queimadas periódicas e inundações sazonais (Hammond & ter Steege 1998, Silveira 2003, Jirka et al. 2007). De uma maneira geral, áreas de savanas amazônicas apresentam isolamento entre si e entre as porções norte e sul do rio Amazonas (Colli 1996), enquanto que campinas e campinaranas podem apresentar uma certa conectividade ao longo da calha de grandes rios, especialmente do Negro e do Branco.

As savanas amazônicas ao sul do rio Amazonas são conectadas a outra região de mosaicos de savanas e florestas tropicais localizada na transição entre Amazônia e Cerrado: o “Arco do Desmatamento” (Marimon et al. 2006, Aldrich et al. 2012). Áreas de ecótono, como a transição Amazônia-Cerrado, têm características definidas por escalas temporais e espaciais e forças interativas entre os sistemas de transição (Di Castri et al. 1988). Eles não apenas separam, mas também conectam áreas adjacentes, atuando como filtros de permeabilidade variável, moderando o fluxo de espécies, genes e matéria (Smith et al. 1997). Ecótonos também podem atuar como fonte de novidades evolutivas e desempenhar papel importante na origem e manutenção da biodiversidade (Risser 1995, Smith et al. 1997, Moritz et al. 2000).

As formações abertas amazônicas e a transição Amazônia-Cerrado são caracterizadas também por menor riqueza e endemismo da herpetofauna (anfíbios e répteis) quando comparadas às formações florestais amazônicas (Neckel-Oliveira et al., 2000), provavelmente pelo pequeno tamanho e grau de isolamento dos fragmentos e por extinções estocásticas (Colli 1996, Gainsbury & Colli 2003). Apesar disso, as formações abertas podem abrigar espécies de distribuição restrita que não ocorrem em florestas de terra firme adjacentes (Borges 2004). Restrições ecológicas em ambientes com características bastante específicas podem fazer com que essas regiões atuem como

filtros evolutivos levando à adaptação e à especialização de vários táxons (Borges et al. 2016).

Esse é o caso da maioria das espécies de lagartos do gênero *Cnemidophorus* (Squamata: Teiidae), especialistas de habitats não-florestais, com distribuição ampla em todo o continente sul-americano (Magnusson et al. 1986, Cole & Dessauer 1993, Vitt et al. 1997). Assim como os demais teídeos, são lagartos heliotérmicos, com pico de atividade nas horas mais quentes do dia, período em que forrageiam ativamente (Bergallo & Rocha 1993, Teixeira-Filho et al. 1995, Vitt 1995). Três espécies de *Cnemidophorus* ocorrem nas formações abertas da Amazônia brasileira, incluindo ecossistemas de areia branca e savanas amazônicas: *C. lemniscatus*, *C. gramivagus* e *C. cryptus* (Ávila-Pires 1995). No entanto, a delimitação dessas espécies e suas histórias evolutivas e demográficas não são bem definidas até o momento (Harvey et al. 2012), sendo que cada uma delas pode representar um complexo de espécies crípticas. Investigar como os processos históricos influenciaram os padrões atuais de diversificação e de distribuição dessas linhagens, bem como as suas relações de parentesco, é essencial para prever a persistência do grupo no futuro.

Nesse contexto, no meu projeto de doutorado utilizo uma abordagem integrativa para avaliar os padrões evolutivos e o futuro das linhagens de lagartos *Cnemidophorus* de formações abertas da Amazônia e do ecótono Amazônia-Cerrado frente às mudanças climáticas. Em um primeiro momento, buscaremos definir os limites interespecíficos, as relações filogenéticas e o tempo de divergência, bem como investigar a associação entre sua diversificação e a evolução das áreas abertas na Amazônia. Em seguida, por meio de parâmetros demográficos históricos e dados ecofisiológicos, verificaremos como as populações responderam às flutuações pretéritas no clima, qual o potencial adaptativo dessas populações nas diferentes regiões da Amazônia (populações periféricas e centrais) e devem reagir perante cenários futuros de aquecimento global.

Justificativa

Esperamos que nossos resultados permitam entender as bases moleculares e ecológicas da especiação e da adaptação às mudanças climáticas, não só na Amazônia, mas também ao longo do gradiente Amazônia-Cerrado. Isso é essencial para prever as respostas da biodiversidade perante futuras crises ambientais. Nossos resultados auxiliarão na definição de melhores estratégias de conservação das espécies e na identificação de áreas vulneráveis (e muitas vezes negligenciadas) às alterações no

clima, como as regiões periféricas e abertas da Amazônia. Considerando a natureza integrativa deste projeto e o alcance de vários campos do conhecimento (biodiversidade, risco de extinção, mudança climática, biologia evolutiva, modelagem populacional, genômica da especiação e da adaptação, ecologia térmica, conservação), os resultados serão de grande interesse para a comunidade científica de forma ampla.

Objetivo Geral e Objetivos Específicos:

O objetivo geral do projeto é investigar a história evolutiva e o futuro das linhagens de *Cnemidophorus* de formações abertas da Amazônia e do ecótono Amazônia-Cerrado sob cenários de mudanças climáticas (Fig. 1), integrando para isso abordagens ecológicas (i.e., dados de preferências térmicas coletados por meio de experimentos ecofisiológicos realizados em campo) e históricas (i.e., dados genéticos de estrutura filogeográfica e genômica da adaptação coletados em laboratório).

Especificadamente, nossos objetivos são: (1) inferir limites interespecíficos das linhagens de *Cnemidophorus* e investigar a associação entre a diversificação e o surgimento de formações abertas da Amazônia; (2) verificar como as populações respondem fisiologicamente às mudanças climáticas, quais são os potenciais adaptativos das populações do centro e da periferia da Amazônia e como estas possivelmente reagirão às mudanças climáticas futuras; e (3) entender as bases genômicas da adaptação às mudanças climáticas nas populações naturais no gradiente Amazônia-Cerrado.

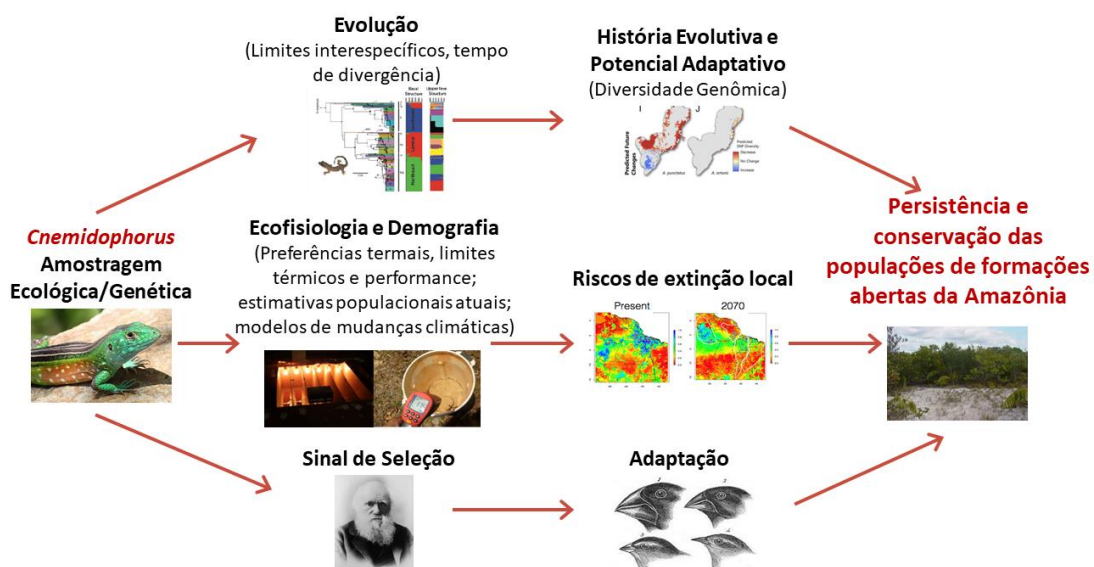


Figura 1 – Fluxograma dos objetivos principais do projeto.

Métodos:

Objetivo 1 – Delimitação de linhagens

Até o momento, obtivemos cerca de 280 amostras provenientes das coleções herpetológicas e de coletas realizadas pelo nosso grupo de pesquisa em diversas localidades da Amazônia brasileira e ecótono Amazônia-Cerrado. Realizaremos expedições adicionais ainda esse ano para coleta em localidades com ocorrência conhecida de *Cnemidophorus* na Amazônia, mas que representam lacunas na nossa amostragem (e.g., Boa Vista-RR, São Gabriel da Cachoeira-AM no alto Rio Negro, Santarém-PA). A coleta dos dados moleculares mitocondriais já foi finalizada no Laboratório Temático de Biologia Molecular do INPA para as amostras já obtidas.

Iremos reconstruir as relações filogenéticas com base em máxima verossimilhança com o programa RAxML (Stamatakis 2014) e em Inferência Bayesiana com o programa MrBayes (Ronquist et al. 2012). Utilizaremos o programa PartitionFinder2 (Lanfear et al. 2016) para seleção do melhor modelo evolutivo com base no Critério Bayesiano de Informação (BIC).

Iremos inferir simultaneamente os limites das espécies e suas relações em uma árvore de espécies (*species tree*) sob um modelo coalescente multiespécies implementado com o pacote STACEY (Jones 2014) no programa BEAST2 (Bouckaert et al. 2014; Drummond & Bouckaert 2015). A abordagem usada pelo STACEY estima uma árvore de espécies com grupos mínimos de indivíduos com base em métodos de MCMC que exploram o espaço de delimitações de espécies sem a necessidade de designação *a priori* dos indivíduos às espécies (como o *BEAST), nem de uma árvore guia (Jones 2014, 2016). Assim, STACEY coestima os limites interespecíficos e a árvore de espécies. Por fim, estimaremos os tempos de divergência e a árvore de espécies no programa *BEAST (Bouckaert et al. 2014) usando taxas de substituição de genes mitocondriais para calibrar as inferências temporais de Teiidae (Oliveira et al. 2015) e relógios moleculares relaxados. Para todas as análises, utilizaremos corridas independentes e número de gerações adequados, sendo que iremos conferir a convergência e estabilidade das corridas com o programa Tracer (Rambaut et al. 2014). Combinaremos corridas e árvores com o programa LogCombiner (Drummond & Rambaut 2007), computaremos árvores de máxima credibilidade de clados (maximum

clade credibility tree – MCC) usando TreeAnnotator (Drummond & Rambaut 2007) e o programa FigTree para traçar e visualizar todas as árvores de genes e espécies.

Construiremos uma rede de haplótipos para as espécies amostradas no programa Haploview (Barrett et al. 2005). Realizaremos análises para detectar estrutura populacional e atribuir os indivíduos às populações no programa BAPS (Corander et al. 2008). Calcularemos a distância genética (F_{ST}) entre as populações inferidas no programa MEGA (Tamura et al. 2013) e métricas de polimorfismo de DNA com o programa DNAsp (Rozas et al. 2003).

Objetivo 2 – Demografia histórica e respostas futuras

Utilizaremos técnicas de sequenciamento de DNA de próxima geração (*Next-gen sequencing*) para obter polimorfismos de nucleotídeos únicos (SNPs) associados aos sítios de restrição (RAD tags). Seguiremos o protocolo de Peterson et al. (2012) para gerar as ddRAD tags, utilizando duas enzimas de restrição para fragmentar o genoma. Esse método permite o fracionamento da quantidade de genoma que será sequenciado por meio de seleção dos fragmentos digeridos (Peterson et al. 2012). Obteremos os dados de Next-gen através de um laboratório comercial para uma subamostragem a ser definida com base na estrutura intraespecífica estimada com base no marcador mitocondrial (objetivo 1).

Para estimar parâmetros demográficos históricos para cada uma das espécies delimitadas no Objetivo 1 utilizaremos a abordagem coalescente do programa SPLATCHE2 (Ray et al. 2010). Esse programa permite modelar cenários demográficos complexos em contextos espacialmente explícitos, possibilitando investigar o impacto de fatores ecológicos sobre a estrutura genética das populações. Inicialmente construiremos simulações espacialmente dinâmicas e temporalmente explícitas da história demográfica das populações, com parâmetros como tamanho populacional (e flutuação ao longo do tempo), migração e intensidade de fluxo gênico entre populações. Em seguida, utilizaremos os resultados das simulações para estimar a distribuição espacialmente explícita da diversidade genética das linhagens sob uma abordagem coalescente, que leva em consideração as estimativas de migração e capacidade suporte ao longo da paisagem.

Para prever o efeito de futuras alterações climáticas sobre a diversidade genética seguiremos a abordagem proposta por Brown et al. (2016) e Prates et al. (2016), na qual simularemos a distribuição da diversidade genômica em três cenários: atual, no ano

2050 e no ano 2070. Parametrizaremos nossos modelos com as estimativas demográficas históricas de tamanho ancestral da população, taxa de migração e o tamanho máximo viável da população. Repetiremos as simulações 100 vezes para cada cenário temporal. Posteriormente, subtrairemos os resultados previstos para o futuro pelo cenário de diversidade genética atual para investigar as mudanças e identificar regiões espacialmente explícitas preditas para comportar perdas ou ganhos de diversidade genética. Realizaremos análises estatísticas multivariadas e multiloco de variância molecular (AMOVA) em contextos geográficos explícitos para investigar se vulnerabilidade, riscos de extinção, demografia populacional e diversidade genômica diferem entre populações centrais e periféricas, a fim de avaliar seu valor relativo de conservação.

Em cada localidade amostral, coletaremos dados ecofisiológicos para estimar preferências térmicas, tolerâncias e desempenho locomotor (Paranjpe et al., 2012). Em resumo, para um mínimo de dez indivíduos por teste, nós: (a) usamos gradientes térmicos artificiais para inferir temperaturas corporais preferidas, (b) utilizamos manipulações de temperatura para estimar a zona de tolerância térmica (mínimo crítico térmico - CT_{min} e máxima térmica crítica - CT_{max}) e (c) realizamos testes de corrida sob diferentes temperaturas para definir a temperatura corporal ideal para o desempenho locomotor. De cada indivíduo também registraremos: tamanho, massa corporal, sexo e idade. Utilizamos sensores térmicos (HOBOS), para medir temperaturas de microhabitats em que os indivíduos estão ativos (temperaturas operacionais). Os experimentos serão realizados de acordo com o Comitê de Ética em Pesquisa no Uso de Animais (33786/2016). Até o momento já foram coletados dados ecofisiológicos para as populações de Alta Floresta-MT, de Humaitá-AM, do PARNA Campos Amazônicos-AM e da FLONA de Caxiuanã-PA.

Utilizaremos modelos matemáticos adaptados de Sinervo et al. (2010) que incorporam temperaturas ambientais, temperaturas preferenciais das populações e temperaturas críticas máxima e mínima toleradas pela espécie para estimar o período do dia em que os lagartos se mantêm ativos (horas de atividade). Quanto maior o período em que os indivíduos não conseguem realizar suas atividades como forrageamento e reprodução (horas de restrição), maior o risco de extinção local (Sinervo et al. 2010).

Por meio de modelos lineares generalizados (GLM) e modelos aditivos generalizados (GAM) estimaremos a distribuição das espécies em um cenário atual e futuro de mudanças climáticas. Estimaremos os mapas de distribuição a partir de

camadas ecofisiológicas e ecológicas, considerando horas de atividade, horas de restrição, desempenho térmico e variáveis ambientais.

Utilizaremos três cenários de aumento de emissão de carbono previstos pelo IPCC – Intergovernmental Panel on Climate Change: RCP2.6 (baixo), RCP4.5 (moderado) e RCP8.5 (alto). Estimativas de probabilidade de ocorrência e comparação dos mapas de distribuição atual e futura nos permitirá quantificar o risco de extinção local da espécie. Iremos avaliar se áreas previstas para apresentarem altos riscos de extinção coincidem com áreas previstas para terem incremento ou perda de diversidade genômica (SNPs). Faremos as análises no ambiente R (R Core Team 2018) com o pacote Manguari que está sendo desenvolvido por Caetano et al.

Objetivo 3 – Bases genômicas da adaptação às mudanças climáticas

Inicialmente realizaremos *genome scans* para identificar locos outliers com diferenciação genética atipicamente alta, que podem indicar efeito de seleção natural (fora do equilíbrio de Hardy-Weinberg). Posteriormente, investigaremos as relações entre as variáveis ambientais (como estrutura da vegetação e variáveis climáticas) com a estrutura genética e demográfica das populações por meio de análises multivariadas no ambiente R (R Core Team 2018). Assumimos que regiões genômicas com alta correlação com variáveis ambientais, que representam pressões seletivas associadas a temperaturas maiores, provavelmente estarão sob seleção baseada em mudanças climáticas (Guillot et al. 2014). Com uma análise de componentes principais (PCA) e uma análise de correspondência canônica (CCA), identificaremos quais as variáveis mais relacionadas com a variação genética das populações.

Outras abordagens para a análise genótipo-ambiente que corrigem a estrutura populacional e controlam as taxas de falsas descobertas também serão investigadas, como os modelos mistos de fatores latentes que incluem o número de populações como fatores latentes (Frichot et al. 2013, 2015, François et al. 2016). No futuro, esperamos usar nossos resultados e recursos genômicos para identificar genes candidatos à tolerância de calor ligados aos SNPs identificados pela varredura (Rodríguez et al. 2017).

Mapearemos a distribuição da variação genômica em resposta à mudança ambiental implementando análise de paisagem que combina variação intraespecífica devido à adaptação local com modelagem espacial de relações organismo-ambiente (Fitzpatrick & Keller 2015). A abordagem usa modelagem de dissimilaridade

generalizada para modelar a substituição (*turnover*) de frequências alélicas ao longo de gradientes ambientais e, assim, mapear a adaptação ecológica a partir de dados genômicos (Fitzpatrick & Keller 2015).

Atividades Previstas:

Ainda durante o ano de 2018 e no início de 2019 realizaremos mais quatro expedições para coleta dos dados ecofisiológicos (São Gabriel da Cachoeira-AM, Boa Vista-RR, Alter do Chão-PA, Manaus-AM). No momento, estamos realizando análises filogenéticas com os dados mitocondriais para selecionar as amostras que serão enviadas para sequenciamento de próxima geração (*Next-Generation Sequencing*) em laboratório comercial, atividade para a qual pretendo empregar boa parte dos recursos solicitados ao Programa de Bolsas Funbio – Conservando o Futuro. Além disso, estamos buscando financiamento para realização do meu doutorado sanduíche na *City College of New York-EUA* no primeiro semestre de 2019. Essa oportunidade permitirá o desenvolvimento das principais análises de genômica da adaptação em parceria com a Dra. Ana Carolina Carnaval, pesquisadora de renome mundial em Biologia Evolutiva, com ênfase em grupos da herpetofauna Neotropical. Apresentaremos resultados preliminares do projeto no *Evolution Meetings* em junho de 2019 que será realizado em Providence, Rhode Island, EUA.

Infraestrutura Física e Tecnológica

O Laboratório Temático de Biologia Molecular do INPA conta com todos os equipamentos necessários para a obtenção dos dados mitocondriais desde extração de DNA até sequenciamento. As amostras serão enviadas para sequenciamento genômico em laboratório comercial. Os aparatos para realização dos experimentos ecofisiológicos (e.g. sensores térmicos HOBO, câmera, gradiente térmico) já foram adquiridos pelo Laboratório de Ecologia e Evolução de Vertebrados do INPA (Dra. Fernanda Werneck, orientadora) e pela Coleção Herpetológica da UnB (Dr. Guarino Colli, coorientador), bem como todo o material necessário para realização das expedições (e.g. armadilhas, material para coleta de tecido e fixação dos espécimes).

Cronograma:

Atividades/Semestres	2018	2019		2020		2021
	2°	1°	2°	1°	2°	1°
Análises Filogeográficas e Filogenéticas	X	X				
Redação do Manuscrito 1		X	X			
Submissão do Manuscrito 1			X			
Coleta de Dados Genômicos		X				
Análises Demográficas		X	X			
Campos Ecofisiologia	X	X				
Análises Ecofisiologia				X		
Redação do Manuscrito 2				X	X	
Submissão do Manuscrito 2					X	
Redação do Manuscrito 3				X	X	
Submissão do Manuscrito 3					X	
Redação da Tese					X	X
Defesa da Tese						X

Orçamento:

Já contamos com financiamento para as atividades de campo que serão realizadas no final de 2018 e início de 2019 (*National Geographic Early Career Grant WW-189ER-17*). Se aprovado o projeto, os valores cedidos pela FUNBIO serão utilizados para produzir os dados genômicos (RADseq) e aumentar o poder computacional para realização das análises.

Orçamento da Pesquisa						
Categoria de despesa	Descrição dos itens	Material será cedido para Instituição (Sim ou Não)	Quantidade	Unidade (un; litro; metro; dia; km)	Valor Unitário (R\$)	Valor Total (R\$)
Serviço de terceiros Pessoa Jurídica	Sequenciamento de próxima geração (Next-Gen) em laboratório comercial	NA	2 placas	NA	19.000,00	37.000,00
Equipamentos	Notebook Lenovo Ideapad 320 Intel Core i7 8GB 1 TB	Não	1	NA	3.000,00	3.000,00
TOTAL						40.000,00

Resultados Esperados

Os limites interespecíficos das linhagens de *Cnemidophorus* ainda não estão claramente definidos. Considerando evidências anteriores para outros lagartos da região amazônica (Bergmann & Russell, 2007, Geurgas & Rodrigues, 2010, Colli et al. 2015, Oliveira et al. 2016) e gêneros próximos em outros biomas (Colli et al. 2003, 2009, Arias et al. 2011, 2014), esperamos identificar espécies crípticas, pelo menos mais uma dentre as já descritas (A.P. Lima e M. Ribeiro-Jr., Com. Pessoal). Como consequência, as descrições das espécies também podem fazer parte do trabalho colaborativo resultante desse projeto. Também esperamos encontrar uma relação entre os padrões de

diversificação do complexo de espécies e a origem e expansão das formações abertas amazônicas. Devido à natureza fragmentada dessas formações, acreditamos ser possível detectar uma estruturação significativa entre os grupos que ocorrem em pequenas áreas de conectividade, como savanas mais isoladas nas porções sul e norte do rio Amazonas.

Nossos resultados preliminares indicam que as linhagens de *Cnemidophorus* da Amazônia estão sob altos riscos de extinção. Acreditamos que os modelos, aperfeiçoados pela incorporação de inferências filogeográficas (Objetivo 1) e demográficas (Objetivo 2) fornecerão uma imagem mais clara das ameaças e das potenciais respostas adaptativas desses lagartos na Amazônia e ao longo do gradiente Amazônia-Cerrado. Prevemos que os resultados indicarão que as linhagens de *Cnemidophorus* podem sofrer mudanças de distribuição induzidas pelas alterações climáticas. Isso aumentaria as chances de extinção local ou a possibilidade de migração para outras áreas, influenciando também as interações ecológicas com outras espécies. Se corroborarmos que *C. cryptus* está passando por uma expansão ao longo do “Arco do Desmatamento”, esta espécie (e potencialmente outra de *Cnemidophorus* da Amazônia) poderia ser considerada indicadora dos efeitos das mudanças climáticas e do desmatamento sobre a biodiversidade atual.

Esperamos divulgar nossas descobertas para o público em geral por meio de mídia não-científica, apresentando os impactos das alterações do clima sobre a biota e contribuindo para a aplicação de políticas públicas e para a conscientização da comunidade em relação aos efeitos do aquecimento global. Além disso, acreditamos que nossos resultados ajudarão a prever as tendências da biodiversidade e possibilitarão agregar novos dados para que sejam tomadas as melhores estratégias de conservação.

Referências:

- Adeney, J.M. 2009. Remote Sensing of Fire, Flooding, and White Sand Ecosystems in the Amazon. Dissertação de Mestrado, Graduate School of Duke University, Carolina do Norte, EUA.
- Adeney, J.M. et al. 2016. White-Sand Ecosystems in Amazonia. *Biotropica* 48:7-23.
- Aldrich, S. et al. 2012. Contentious land change in the Amazon's Arc of Deforestation. *Annals of the Association of American Geographers* 102:103-128.
- Anderson, A.B. 1981. White-sand vegetation of Brazilian Amazonia. *Biotropica* 13:199–210.

- Angilletta, M. 2009. Thermal adaptation: a theoretical and empirical synthesis. Oxford University Press, Reino Unido.
- Arias, F., et al. 2011. Two new species of *Cnemidophorus* (Squamata: Teiidae) of the *C. ocellifer* group, from Bahia, Brazil. *Zootaxa* 3022:1-21.
- Arias, F., et al. 2014. Whiptail lizards in South America: a new *Ameivula* (Squamata, Teiidae) from Planalto dos Gerais, Eastern Brazilian Cerrado. *Amphibia-Reptilia* 35:227- 242.
- Ávila-Pires, T.C.S. 1995. Lizards of Brazilian Amazonia (Reptilia: Squamata). *Zoologische Verhandelingen* 1995:3–706.
- Barrett, J.C. et al. 2005. Haploview: analysis and visualization of LD and haplotype maps. *Bioinformatics* 21:263-265.
- Bergallo, H.G. and C.F.D. Rocha. 1993. Activity patterns and body temperatures of two sympatric lizards (*Tropidurus torquatus* and *Cnemidophorus ocellifer*) with different foraging tactics in southeastern Brazil. *Amphibian-Reptilia* 14:312–315.
- Bergmann, P.J. and A.P. Russell. 2007. Systematics and biogeography of the widespread Neotropical gekkonid genus *Thecadactylus* (Squamata), with the description of a new cryptic species. *Zoological Journal of the Linnean Society* 149:339-370.
- Borges, S.H. 2004. Species poor but distinct: bird assemblages in white sand vegetation in Jaú National Park, Brazilian Amazon. *Ibis* 146:114-124.
- Borges, S.H. et al. 2016. Bird Communities in Amazonian White-Sand Vegetation Patches: Effects of Landscape Configuration and Biogeographic context. *Biotropica* 48:121-131.
- Bouckaert, R. et al. 2014. BEAST 2: A Software Platform for Bayesian Evolutionary Analysis. *PLoS Computational Biology* 10:1–6.
- Brown, J.L. et al. 2016. Predicting the genetic consequences of future climate change: The power of coupling spatial demography, the coalescent, and historical landscape changes. *American Journal of Botany* 103:153-163.
- Byers, K.J.R. et al. 2017. Molecular mechanisms of adaptation and speciation: why do we need an integrative approach? *Molecular Ecology* 26:277-290.
- Cabrelli, A.L. et al. 2014. A framework for assessing the vulnerability of species to climate change: a case study of the Australian elapid snakes. *Biodiversity and Conservation* 23:3019-3034.

- Chambers, L. et al. 2013. Continental scale analysis of bird migration timing: influences of climate and life history traits—a generalized mixture model clustering and discriminant approach. *International Journal of Biometeorology* DOI: 10.1007/s00484-00013-00707-00482.
- Chevin, L.M. et al. 2010. Adaptation, plasticity, and extinction in a changing environment: towards a predictive theory. *PLoS Biology* 8:e1000357.
- Chown, S. L. et al. 2010. Adapting to climate change: a perspective from evolutionary physiology. *Climate Research* 43:3-15.
- Cole, C.J. and H.C. Dessauer. 1993. Unisexual and bisexual whiptail lizards of the *Cnemidophorus lemniscatus* complex (Squamata: Teiidae) of the Guiana region, South America, with descriptions of new species. *American Museum Novitates* 3081:1–30.
- Colli, G.R. 1996. Amazonian Savanna Lizards and the Historical Biogeography of Amazonia. Tese de Doutorado, University of California, Los Angeles.
- Colli, G.R. et al. 2015. Description and phylogenetic relationships of a new genus and two new species of lizards from Brazilian Amazonia, with nomenclatural comments on the taxonomy of Gymnophthalmidae (Reptilia: Squamata). *Zootaxa* 4000:401-427.
- Colli, G.R., et al. 2003. A new species of *Cnemidophorus* (Squamata, Teiidae) from the Cerrado biome in central Brazil. *Occasional Papers, Sam Noble Oklahoma Museum of Natural History* 14:1-14.
- Colli, G.R., et al. 2009. A New Species of *Cnemidophorus* from the Jalapão Region, in the Central Brazilian Cerrado. *Herpetologica* 65:311-327.
- Corander, J. et al. 2008. Enhanced Bayesian modelling in BAPS software for learning genetic structures of populations. *BMC Bioinformatics* 9:1.
- Deutsch, C.A. et al. 2008. Impacts of climate warming on terrestrial ectotherms across latitude. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 105:6668–6672.
- Di Castri, F. et al. 1988. A new look at ecotones: emerging international projects on landscape boundaries. *Biology International Special Issue* 17:1-163.
- Drummond, A.J. and A. Rambaut. 2007. BEAST: Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees. *BMC Evolutionary Biology* 7:214.
- Drummond, A.J. and R.R. Bouckaert. 2015. Bayesian evolutionary analysis with BEAST. Cambridge University Press, Inglaterra.

- Ferreira, C.A.C. 2009. Análise comparativa de vegetação lenhosa do ecossistema campina na Amazônia Brasileira. Tese de Doutorado, INPA, Manaus, Amazonas.
- Fitzpatrick, M. and S. R. Keller. 2015. Ecological genomics meets community-level modelling of biodiversity: mapping the genomic landscape of current and future environmental adaptation. *Ecology Letters* 18:1-16.
- François, O. et al. 2016. Controlling false discoveries in genome scans for selection. *Molecular Ecology* 25:454-469.
- Frichot, E. et al. 2013. Testing for associations between loci and environmental gradients using latent factor mixed models. *Molecular Biology and Evolution* 30:1687-1699.
- Frichot, E. et al. 2015. An R package for landscape and ecological association studies. *Methods in Ecology and Evolution* 6:925-929.
- Frishkoff, L.O. et al. 2016. Climate change and habitat conversion favour the same species. *Ecology Letters* 19:1081-1090.
- Gainsbury, A.M. and G.R. Colli. 2003. Lizard Assemblages from Natural Cerrado Enclaves in Southwestern Amazonia: The Role of Stochastic Extinctions and Isolation. *Biotropica* 35:503-519.
- Geurgas, S.R. and M.T. Rodrigues. 2010. The hidden diversity of *Coleodactylus amazonicus* (Sphaerodactylinae, Gekkota) revealed by molecular data. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 54:583-593.
- Guillot, G. et al. 2014. Detecting correlation between allele frequencies and environmental variables as a signature of selection. A fast computational approach for genome-wide studies. *Spatial Statistics* 8:145-155.
- Guimarães, F.S. and G.T. Bueno. 2016. As campinas e campinaranas amazônicas/The amazonian campinas and campinaranas. *Caderno de Geografia* 26:113-133.
- Hammond, D.S. and H. ter Steege. 1998. Propensity for fire in Guianan rainforests. *Conservation Biology* 12:944-947.
- Harvey, M.B. et al. 2012. Review of teiid morphology with a revised taxonomy and phylogeny of the Teiidae (Lepidosauria: Squamata). *Zootaxa* 3459:156.
- Hoban, S., J.L et al. 2016. Finding the genomic basis of local adaptation: pitfalls, practical solutions, and future directions. *The American Naturalist* 188:379-397.
- Hoffmann, A.A. and C.M. Sgro. 2011. Climate change and evolutionary adaptation. *Nature* 470:479-485.
- Huey, R.B. et al. 2010. Are lizards toast? *Science* 328:832-833.

- Huey, R.B. et al. 2012. Predicting organismal vulnerability to climate warming: roles of behaviour, physiology and adaptation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B* 367:1665-1679.
- IPCC. 2014. *Climate Change 2014: Mitigation of Climate Change. Contribution of Working Group III to the Fifth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change*. Cambridge University Press, Inglaterra.
- Jirka, S. et al. 2007. Relationships between soil hydrology and forest structure and composition in the southern Brazilian Amazon. *Journal of Vegetation Science* 18:183–194.
- Jones, G. 2014. STACEY: species delimitation and phylogeny estimation under the multispecies coalescent. *BioRxiv* DOI: <http://dx.doi.org/10.1101/010199>
- Jones, G. 2016. Algorithmic improvements to species delimitation and phylogeny estimation under the multispecies coalescent. *Journal of Mathematical Biology* DOI: 10.1007/s00285-016-1034-0
- Kubisch, E.L. et al. 2015. Local extinction risk by global warming of three species of lizards from Patagonia. *Canadian Journal of Zoology* DOI: 10.1139/cjz-2015-0024.
- Lanfear, R. et al. 2016. PartitionFinder2: New methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution* DOI: 10.1093/molbev/msw260.
- Lisboa, P.L. 1975. Estudo sobre a vegetação das campinas amazônicas. VI. Aspectos ecológicos de *Glycoxylon inophyllum* (Mart. ex Miq.) Ducke (Sapotaceae). *Acta Amazonica* 6:193-211.
- Llewelyn, J. et al. 2016. Intraspecific variation in climate-relevant traits in a tropical rainforest lizard. *Diversity and Distributions* 22:1000-1012.
- Magnusson, W.E. et al. 1986. Factors affecting densities of *Cnemidophorus lemniscatus*. *Copeia* 1986:804–807.
- Marimon, B.S. et al. 2006. Observations on the vegetation of northeastern Mato Grosso, Brazil. Iv. An analysis of the Cerrado–Amazonian Forest ecotone. *Edinburgh Journal of Botany* DOI: 10.1017/S0960428606000576.
- Marimon, B.S. et al. 2014. Disequilibrium and hyperdynamic tree turnover at the forest-cerrado transition zone in southern Amazonia. *Plant Ecology & Diversity* 7:281-292.

- Moritz, C. et al. 2000. Diversification of rainforest faunas: an integrated molecular approach. *Annual Review of Ecology and Systematics* 31:533-563.
- Moritz, C. et al. 2012. Integrating phylogeography and physiology reveals divergence of thermal traits between central and peripheral lineages of tropical rainforest lizards. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences* 367:1680-1687.
- Muñoz, M.M. et al. 2016. Basking behavior predicts the evolution of heat tolerance in Australian rainforest lizards. *Evolution* 70:2537-2549.
- Neckel-Oliveira, S. et al. 2000. Diversity and distribution of frogs in an Amazonian savanna in Brazil. *Amphibia-Reptilia* 21:317-326.
- Oliveira, D.P. et al. 2016. Cryptic diversity in the lizard genus *Plica* (Squamata): phylogenetic diversity and Amazonian biogeography. *Zoologia Scripta* 45:630-641.
- Oliveira, E.F. et al. 2015. Speciation with gene flow in whiptail lizards from a Neotropical xeric biome. *Molecular Ecology* 24:5957-5975.
- Paranjpe, D.A. et al. 2012. Measuring thermal profile of reptiles in laboratory and field. Pp. 460-462 in *Proceedings of Measuring Behavior* (A. Spink, F. Grieco, O. Krips, L. Loijens, L. Noldus, and P. Zimmerman, eds.). Noldus Information Technology, Holanda.
- Peterson, B.K. et al. 2012. Double digest RADseq: an inexpensive method for de novo SNP discovery and genotyping in model and non-model species. *PloS One* 7:e37135.
- Pires, J.M. 1974. Tipos de vegetação da Amazônia. *Brasil Florestal* 20:179-202.
- Prates, I., A.T. et al. 2016. Inferring responses to climate dynamics from historical demography in neotropical forest lizards. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 113:7978-7985.
- R Core Team. 2018. R Development Core Team. *RA Lang Environ Stat Comput* 55:275-286.
- RADAMBRASIL. 1976. Pico da Neblina. Levantamento de Recursos Naturais. Departamento Nacional da Produção Mineral, Brasil.
- Rambaut, A. et al. 2014. Tracer v1.6. Disponível em <http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer> em 15 Novembro 2016.

- Ray, N. et al. 2010. SPLATCHE2: a spatially explicit simulation framework for complex demography, genetic admixture and recombination. *Bioinformatics* 26:2993-2994
- Risser, P.G. 1995. The status of the science examining ecotones - A dynamic aspect of landscape is the area of steep gradients between more homogeneous vegetation associations. *Bioscience* 45:318-325.
- Rodríguez, A. et al. 2017. Genomic and phenotypic signatures of climate adaptation in an *Anolis* lizard. *Ecology and Evolution* 7:6390-6403.
- Ronquist, F. et al. 2012. MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic biology* 61:539-542.
- Rozas, J. et al. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics* 19:2496-2497.
- Silveira, M. 2003. *Vegetação e Flora das Campinaranas do Sudoeste Amazônico*. Associação S.O.S., Brasil.
- Sinervo, B. et al. 2010. Erosion of lizard diversity by climate change and altered thermal niches. *Science* 328:894-899.
- Smith, T. B. et al. 1997. A role for ecotones in generating rainforest biodiversity. *Science* 276:1855-1857.
- Stamatakis, A. 2014. RAxML Version 8: A tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30:1312-1313.
- Tamura, K. et al. 2013. MEGA 6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30:2725-2729.
- Teixeira-Filho, P.F. et al. 1995. Aspects of thermal ecology and habitat use by *Cnemidophorus ocellifer* (Sauria: Teiidae) in the Restinga of Barra de Maricá, Rio de Janeiro. *Oecologia Brasiliensis* 1:155–165.
- Urban, M.C. 2015. Accelerating extinction risk from climate change. *Science* 348:571-573.
- Vitt L. J. et al. 1997. Ecology of whiptail lizards (*Cnemidophorus*) in the amazon region of Brazil. *Copeia* 1997:745–757.
- Vitt, L.J. 1995. The ecology of tropical lizards in the Caatinga of northeast Brazil. *Occ. Pap. Okla. Mus. Nat. Hist.* 1:1–29.
- Winter, M. et al. 2016. Patterns and biases in climate change research on amphibians and reptiles: a systematic review. *Open Science* 3:160158.