

Universidade de Brasília
Instituto de Ciências Biológicas
Departamento de Ecologia

**“A fragmentação e seus efeitos sobre aves de
fitofisionomias abertas do Cerrado”**

Júlio César Roma

Orientador: Prof. Dr. Guarino Rinaldi Colli

Tese apresentada ao Programa
de Pós-Graduação em Ecologia
da Universidade de Brasília,
como parte dos requisitos
necessários à obtenção do título
de Doutor em Ecologia.

Brasília, DF

2006

Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), como parte dos requisitos para obtenção do título de Doutor em Ecologia pelo Programa de Pós-graduação em Ecologia da Universidade de Brasília.

Aprovado por:

Prof. Dr. Guarino Rinaldi Colli
(Orientador)

Dr. José Maria Cardoso da Silva
(Membro Titular da Banca Examinadora)

Prof. Dr. Renato Caparroz
(Membro Titular da Banca Examinadora)

Dr. Ricardo Bonfim Machado
(Membro Titular da Banca Examinadora)

Prof. Dr. Miguel Ângelo Marini
(Membro Titular da Banca Examinadora)

Dr. David Conway Oren
(Membro Suplente da Banca Examinadora)

Para a Bibi, Cacá,
Tetê e Lolô.

O carro quebrô?

Tá bão... Num

quebrô? Mió

ainda!

Agradecimentos

A realização deste trabalho jamais teria sido possível sem a colaboração de uma série de pessoas e instituições. Ainda que eu incorra no erro de esquecer alguém, pelo que antecipadamente peço desculpas, não poderia deixar de agradecer:

Ao Projeto de Conservação e Uso Sustentável da Diversidade Biológica Brasileira, MMA/SBF/DCBio/PROBIO, resultante da parceria entre o GEF, Banco Mundial, MMA e CNPq, que financiou a maior parte dos trabalhos de campo e, por uma fina ironia do destino, onde tenho tido o privilégio de trabalhar ao longo dos últimos dois anos;

Ao Programa Natureza e Sociedade (WWF/Ford Foundation) e Programa de Pós-Graduação em Ecologia, pela concessão dos recursos necessários à conclusão dos trabalhos de campo;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela concessão de bolsa de doutorado;

Ao IBAMA e MMA/CGEN, pela concessão das licenças de coleta e permissão de acesso ao material genético;

Ao Prof. Dr. Guarino Rinaldi Colli, pela orientação, empréstimo de material bibliográfico, amizade, confiança, incentivo e pelos valiosos ensinamentos, que incluíram a maioria das técnicas e programas de análise de dados e de compilação da bibliografia utilizados neste trabalho;

À Profa. Dra. Paula Schneider, líder do Laboratório de Polimorfismo de DNA da UFPa, pela parceria estabelecida de modo a realizar o 2º capítulo, que incluiu a disponibilização de equipamentos e reagentes que representaram um grande aporte de recursos ao projeto;

Especialmente ao Prof. Dr. Evonnildo Gonçalves, pela ajuda na interpretação dos dados moleculares e orientação fundamental à realização do 2º capítulo, e também à Silvanira

Barbosa, Tibério Burlamaqui e Natália Castro, pelo seqüenciamento do DNA e inestimável ajuda na obtenção dos dados moleculares;

Ao Dr. José Maria Cardoso da Silva, pelas valiosas discussões na fase inicial do projeto, cessão de material bibliográfico e de uma versão eletrônica da base de dados sobre a avifauna do Cerrado, de sua autoria, bem como pelo empréstimo de longo prazo do equipamento de gravação das vocalizações de aves;

Aos proprietários das áreas de estudo, por terem permitido o acesso e a coleta de material nas mesmas. Especialmente, agradeço ao Jéferson e Cássia, ao Sr. Sanches e D. Maria, Ponato, Carijó, e Anísio Favoreto, que me hospedaram durante as expedições a campo, em áreas remotas e de difícil acesso;

Ao Joaquim Silva, Manoel Santa Brígida e Santos Balbino, taxidermistas de primeira linha que me acompanharam nas expedições a campo e prepararam todo o material coletado, hoje incorporado ao acervo da UnB;

À Romilda, Macarrão, Elias, Nildo e Jéferson, pelo apoio durante os trabalhos de campo;

Aos companheiros de jornada Helga Wiederhecker, Daniel Mesquita, Gabriel Costa, Adrian Garda, Ayrton Péres, Leonora Bastos, Mariana Zatz, Gustavo Vieira, Alison Gainsbury, Paula Valdujo, Fernanda Werneck, Graziela Biavati, Verônica Silva, Frederico França, Daniel Diniz, Ruscaia Teixeira, Arthur Brant, Anderson Sevilha, Tânia Sanaiotti, Amábilio Camargo, Og Souza, Reginaldo Constantino, Andréa Nunes, Flamarion Oliveira, Martinho Carvalho e Paulo Motta, pelos bons momentos de convivência em campo e durante os seminários do laboratório de herpetologia da UnB;

Ao David Oren, Mauro Pichorim, Leonardo Lopes, Marcelo Monteiro e Vivian Braz, pelo empréstimo de bibliografia e do acervo de suas bibliotecas de cantos de aves;

Ao Dante Buzzetti, Rômulo Ribon e Marcelo Monteiro, pela inestimável ajuda na identificação das vocalizações das aves, gravadas durante os censos;

Ao Miguel Marini, pela ajuda na identificação de algumas espécies problemáticas coletadas em Rondônia e no Brasil Central;

Ao Amábilio Camargo, pelo empréstimo do GPS nas expedições iniciais;

À Daniela Oliveira, Bráulio Dias e Paulo Kageyama, companheiros com quem tenho a honra de trabalhar no MMA, que flexibilizaram meu horário de trabalho durante os últimos dois meses de modo permitir a conclusão da tese;

À Fabiana Nascimento, Secretária do Programa de Pós-graduação em Ecologia, pelo apoio constante em relação aos assuntos acadêmicos;

Aos Profs. Drs. Helena Moraes e John Hay, respectivamente ex-coordenadora e atual coordenador do Programa de Pós-graduação em Ecologia da UnB, pelo apoio sempre que necessário;

Aos Profs. Drs. Nazaré Klautau, Rosana Tidon, Guarino Colli, Reginaldo Constantino, Carlos Saito, Miguel Marini, Regina Macedo e John Hay, por compartilharem comigo seus conhecimentos ao longo das disciplinas de pós-graduação;

Ao Marcelo Souza, pela ajuda com algumas das figuras que ilustram o Capítulo I;

À Anelise, Luiza e Luciana Pülschen, que me ajudaram a enxergar o lado bom das impermanências da vida, mesmo nas piores crises;

À Carina, Lorena e Bibi, pela paciência nos momentos em que estive afastado e por me tornarem uma pessoa melhor do que eu era, antes de existirem em minha vida;

Ao meu irmão Athaides Roma Jr., que sempre me apoiou nos momentos mais difíceis, despertando em mim capacidades insuspeitas;

Ao meu pai e, de maneira muito especial, à D. Alda, minha mãe, que me ensinou que a vida se renova sempre, quer a gente queira ou não, então é melhor aprender a conviver com isso.

Muito obrigado a todos!

SUMÁRIO

Apresentação e resumo geral	10
Capítulo I - Taxocenoses de aves de pequenos fragmentos de fitofisionomias abertas do Cerrado: subconjuntos previsíveis daquelas de fragmentos maiores?	17
1. Introdução	18
2. Métodos	21
2.1. Áreas de Estudo	21
2.2. Coleta de dados	23
2.3. Análises	25
3. Resultados	29
3.1. Estrutura das taxocenoses	29
3.2. Relação entre área, riqueza, preferência e sensibilidade a alterações de habitats	31
3.3. Comparações acerca da riqueza de fragmentos naturais e antrópicos	31
3.4. Análises da formação de subconjuntos hierárquicos e de idiossincrasias	32
4. Discussão	33
5. Conclusões e recomendações	40
6. Referências bibliográficas	42
Capítulo II – Estrutura de Taxocenoses de Aves em Fragmentos Naturais e Antrópicos de Cerrado	79
1. Introdução	80
2. Métodos	82
2.1. Áreas de estudo	82
2.2. Variáveis ambientais	83
2.3. Registros da avifauna	84
2.4. Análises	85
3. Resultados	87
3.1. Diferenças entre fragmentos de Cerrado naturais (Rondônia) e antrópicos (Brasil Central)	87
3.2. Composição de espécies	88
3.3. Fatores determinantes da estrutura das taxocenoses de aves	89
4. Discussão	90

4.1.	Diferenças entre fragmentos naturais (Rondônia) e antrópicos (Brasil Central) de Cerrado	90
4.2.	Composição de espécies	92
4.3.	Fatores determinantes da estrutura de taxocenoses de aves	93
5.	Conclusões e recomendações	94
6.	Referências bibliográficas	96

Capítulo III – Estrutura genética de populações de *Formicivora rufa* e *F. grisea* (Aves: *Thamnophilidae*) em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado

	Thamnophilidae) em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado	142
1.	Introdução	143
2.	Métodos	145
2.1.	Áreas de estudo	145
2.2.	Espécies estudadas	147
2.3.	Coleta de amostras	148
2.4.	Isolamento do DNA, amplificação e seqüenciamento	149
2.5.	Análises estatísticas	150
3.	Resultados	152
4.	Discussão	156
4.1.	Diversidade genética intrapopulacional	156
4.2.	Efeitos da fragmentação na estrutura genética	158
5.	Conclusões	160
6.	Referências bibliográficas	161

Apresentação e resumo geral

O Cerrado é o segundo maior bioma da América do Sul, cobrindo originalmente uma área entre 1,8 e 2,0 milhões de km² no Brasil Central e em pequenas porções do nordeste do Paraguai e leste da Bolívia. Atualmente, porém, estima-se que apenas 34,2% do bioma permaneçam inalterados, em decorrência dos pouco mais de 50 anos de ocupação antrópica em larga escala. É um bioma de elevada biodiversidade e, para alguns grupos biológicos (como plantas da família Velloziaceae e répteis), também elevado número de endemismos. Estes fatos o levaram a ser considerado um dos 34 *hotspots* mundiais, bem como a maior, mais rica e provavelmente mais ameaçada região de savanas tropicais do mundo. A perda e fragmentação de habitats são consideradas as ameaças mais importantes à biodiversidade global, porém há ainda pouca evidência do que estes processos causam em ambientes abertos.

No Cerrado, onde as paisagens são bastante complexas e fragmentadas, alguns autores reconhecem até onze fitofisionomias que variam de campo limpo a cerradão, com predomínio de formações abertas. Apesar disso, a maior parte dos estudos têm investigado os efeitos da fragmentação sobre espécies florestais, em fitofisionomias como o cerradão e matas de galeria.

A caracterização genética de espécies de aves do Cerrado ainda é virtualmente inexistente; até o momento, apenas dois trabalhos dedicaram-se ao tema, e apenas um destes avaliou, para uma única espécie, os efeitos da fragmentação de matas de galeria na variabilidade genética de populações.

A presente tese de doutorado teve os seguintes objetivos principais: a) investigar se o processo de fragmentação do Cerrado causa a perda de elementos em taxocenoses de aves de forma direcional e previsível, resultando na formação de subconjuntos hierárquicos nos fragmentos; b) investigar a estrutura de taxocenoses de aves em fragmentos naturais e

antrópicos de Cerrado, em busca de padrões de associação entre abundâncias de espécies e variáveis ambientais, c) avaliar a variabilidade genética de populações de *Formicivora rufa* e *F. grisea*, aves passeriformes da família *Thamnophilidae*, e ainda se o processo de fragmentação de longo prazo do Cerrado, resultante de flutuações climáticas ocorridas há cerca de 3.000 anos, pode ter ocasionado a diferenciação genética de populações de *F. rufa*.

Trata-se, portanto, do primeiro trabalho a analisar concomitantemente os efeitos da fragmentação de habitats sobre a estrutura de taxocenoses e a variabilidade genética de populações de aves de fitofisionomias abertas de Cerrado.

Os três estudos desenvolvidos nesta tese de doutorado indicam que a estrutura de taxocenoses de aves em fragmentos de fitofisionomias abertas de Cerrado resultam de fatores históricos (o tempo de isolamento) e ecológicos (variáveis ambientais dos fragmentos), que atuam de maneira complementar sobre a riqueza e abundância das espécies.

Ressalta-se a necessidade de criação de Unidades de Conservação específicas para os remanescentes de Cerrado de Rondônia, considerando-se a exclusividade da avifauna em relação àquela da área nuclear do bioma e o elevado nível de pressão de desmatamentos para plantio de soja existente naquela região.

A tese encontra-se estruturada em três capítulos, resumidos a seguir.

Capítulo I - Taxocenoses de aves de pequenos fragmentos de fitofisionomias abertas do Cerrado: subconjuntos previsíveis daquelas de fragmentos maiores?

Este capítulo objetivou investigar se o processo de fragmentação do Cerrado causa a perda de elementos em taxocenoses de aves de forma direcional e previsível, resultando na formação de subconjuntos hierárquicos, ou seja, se fragmentos menores abrigam

subconjuntos de espécies encontradas em taxocenoses de fragmentos maiores. Foram investigados treze fragmentos de fitofisionomias abertas de Cerrado, dos quais sete (em Rondônia) originaram-se naturalmente há cerca de 3.000 anos, em decorrência de flutuações climáticas, e seis (no Brasil Central) resultaram da conversão recente de áreas para a implantação de cultivos agrícolas. Foram realizados censos, coletas com redes ornitológicas e arma de fogo, além de observações gerais com binóculo, para avaliar a presença de espécies de aves em cada fragmento. A verificação da formação de subconjuntos hierárquicos foi feita por meio do programa *Nestedness Temperature Calculator*, que fornece uma temperatura para o sistema, análoga ao conceito de entropia. Foi investigado também se havia associação entre tamanho e riqueza de espécies das áreas. As análises foram feitas de duas formas distintas: a) para todas as espécies de cada fragmento, b) considerando-se suas preferências de habitats (espécies dependentes, semidependentes e independentes de floresta). Também foram levadas em consideração as sensibilidades das espécies à alteração de habitats (alta, média e baixa sensibilidade). Em seu conjunto, os fragmentos naturais de Rondônia apresentaram maior riqueza (146 espécies, contra 130 no Brasil Central). Porém, não houve diferenças significantes entre as médias das riquezas dos fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado, quando consideradas todas as espécies simultaneamente. Por outro lado, fragmentos naturais apresentaram em média mais espécies dependentes de floresta do que fragmentos antrópicos, enquanto houve em média um número significativamente maior de espécies independentes de floresta nos fragmentos antrópicos. Houve correlação significativa entre área e riqueza total dos fragmentos naturais de Cerrado, porém não para os fragmentos antrópicos. Em Rondônia somente as aves independentes de floresta apresentaram a formação de subconjuntos hierárquicos, enquanto no Brasil Central tanto o conjunto de todas as espécies, quanto espécies dependentes e semidependentes de floresta evidenciaram hierarquização

significativamente diferente do esperado ao acaso. Os resultados indicam que pode ter havido perda de espécies de aves independentes de floresta, típicas de fitofisionomias abertas, nos fragmentos naturais de Rondônia, o que só pôde ser observado devido ao longo tempo de isolamento. Isso indica também que o processo de perda de espécies nos fragmentos antrópicos ainda não está concluído e, portanto, estudos de áreas fragmentadas que não considerem o tempo decorrido desde o seu isolamento podem subestimar os efeitos decorrentes da fragmentação. A seqüência em que espécies serão perdidas em áreas fragmentadas de Cerrado do Brasil Central irá depender da capacidade de deslocamento destas pela matriz de hábitats nas quais os fragmentos estão inseridos.

Capítulo II – Estrutura de Taxocenoses de Aves em Fragmentos Naturais e Antrópicos de Cerrado

Diferenças entre taxocenoses em paisagens fragmentadas podem resultar de outras características biológicas responsáveis por sua estruturação, tais como a vegetação, e não da fragmentação de hábitats *per se*. Assim sendo, foram realizadas Análises de Correspondência Canônica, de modo a buscar padrões de associação entre as abundâncias das espécies de aves presentes em 13 fragmentos de Cerrado (sete isolados periféricos em Rondônia e seis fragmentos antrópicos de origem recente) e 18 variáveis ambientais dos mesmos. Destas, 16 referiam-se a parâmetros obtidos por meio da interpretação de imagens de satélite e duas a parâmetros da vegetação. Uma Análise Discriminante inicial indicou que os fragmentos de Rondônia e do Brasil Central são ambientalmente bastante diferentes, principalmente no que se refere ao maior número de fitofisionomias no Brasil Central e ao maior número de manchas de vegetação em Rondônia.

As Análises de Correspondência Canônica indicaram uma associação significativa entre a abundância de aves e variáveis ambientais para as três categorias de dependência

florestal (independentes, dependentes e semidependentes). Contudo, as variáveis ambientais associadas com as abundâncias das aves variaram entre estes três grupos. Aves independentes de floresta estiveram fortemente associadas à riqueza de espécies de árvores nos fragmentos, enquanto aves dependentes de floresta apresentaram forte associação com a densidade de arbustos. Isto reforça o conceito de que a abundância de espécies de aves está fortemente associada a características florísticas e estruturais dos habitats.

Os processos ecológicos básicos que influenciam dinâmicas populacionais ou a estrutura de comunidades (complementação e suplementação de paisagens, dinâmicas fonte-sumidouro, efeitos de vizinhança) podem estar ocorrendo em uma escala geográfica muito menor no Cerrado do que em outros biomas menos complexos em termos de suas fitofisionomias. Isso indica que Unidades de Conservação no bioma Cerrado devem ser planejadas para abranger o maior número de fitofisionomias possíveis, de modo a manter a complexidade estrutural da paisagem e os processos ecológicos mencionados acima. No Brasil Central, mesmo unidades de conservação relativamente pequenas (da ordem de centenas de ha) mas que abranjam muitas fitofisionomias podem ser importantes para a conservação da avifauna, enquanto nos fragmentos de Cerrado de Rondônia estas devem ser maiores, da ordem de milhares de ha, devido ao menor número de fitofisionomias e maior fragmentação interna dos fragmentos.

Capítulo III – Estrutura genética de populações de *Formicivora rufa* e *F. grisea* (Aves: Thamnophilidae) em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado.

Este capítulo teve por objetivo a) avaliar a variabilidade genética de populações de *F. rufa* e *F. grisea* em fragmentos naturais de Cerrado; b) se existe associação entre área dos fragmentos amostrais e variabilidade genética das populações destas espécies, e c) se o processo de fragmentação natural de longo prazo do Cerrado, resultante de flutuações

climáticas ocorridas há cerca de 3.000 anos, pode ter ocasionado a diferenciação genética de populações de *F. rufa*. Para tanto, foram incluídas amostras de coletadas em cinco dos sete fragmentos naturais de Cerrado (Rondônia) estudados nos capítulos anteriores e ainda uma área de Cerrado contínuo bem preservado, localizada no estado do Tocantins, como controle (apenas para *F. rufa*). Foi realizado o seqüenciamento completo dos genes mitocondriais Citocromo b e ND2, em analisador automático, sendo estimadas distâncias p não corrigidas entre pares de seqüências nucleotídicas para cada área amostral, a diversidade nucleotídica (π) e de haplótipos (h). Ainda, foi investigado se havia diferenças nas médias das diversidades nucleotídicas (π) de *F. rufa* e *F. grisea*, indicando efeitos diferenciais da fragmentação nestas espécies. As diferenciações genéticas interpopulacionais resultantes do processo de fragmentação foram avaliadas por meio de análises de bootstrap, tendo como parâmetro de comparação entre as seqüências as distâncias p. Adicionalmente, foram construídas redes de haplótipos com o método “median joining” para cada marcador e cada espécie estudada, de modo a investigar a distribuição destes nas populações estudadas. A análise de seqüências de Citocromo b e ND2 combinadas mostraram uma reduzida diversidade nucleotídica e uma elevada diversidade haplotípica para ambas as espécies. Não foram observadas correlações entre tamanho da área amostral e diversidade nucleotídica ou entre área e diversidade haplotípica para ambos os genes e ambas as espécies estudadas. A análise de bootstrap e a rede de haplótipos indicaram haver diferenciação genética entre a população de *F. rufa* do Tocantins e aquelas presentes em Rondônia, em resposta ao isolamento geográfico de longo prazo entre estas regiões. No contexto regional de Rondônia, o processo de fragmentação ainda não foi suficiente para ocasionar diferenciação genética das populações de aves estudadas, para ambas as espécies incluídas no presente estudo. Provavelmente isso se deve à pequena distância geográfica entre os fragmentos, o que tem

permitido a manutenção de fluxo gênico. Os resultados do presente estudo corroboram a afirmação de que as aves do Cerrado apresentam baixos níveis de divergência genética, quando comparados àqueles observados entre populações de aves de sub-bosque amazônicas, conforme relatado por outros autores.

**Capítulo I - Taxocenoses de aves de pequenos fragmentos de
fitofisionomias abertas do Cerrado: subconjuntos previsíveis
daquelas de fragmentos maiores?**

1. Introdução

Os processos correlacionados de perda e fragmentação de habitats são provavelmente as ameaças mais importantes à biodiversidade global (Laurance & Cochrane 2001). Para alguns autores, como Myers (1988), há fortes evidências de estarmos nos estágios iniciais de um espasmo de extinção, ou seja, de estarmos testemunhando um episódio de extinção em massa de diversos grupos de organismos, o qual tem como única causa a ocupação de áreas naturais pela espécie humana. Este fato vem sendo apontado com base em uma série de estudos que enfocam os efeitos da perda e fragmentação de habitats principalmente em florestas tropicais (e.g., Laurance & Bierregaard 1997; Chiarello 1999; Laurance et al. 2000; Bierregaard et al. 2002) e áreas temperadas abertas (e.g., Cook & Quinn 1995; Peterjohn & Sauer 1999; Collinge et al. 2003; Krauss et al. 2004), mas poucos voltados para ambientes tropicais abertos (Cavalcanti 1999; Silva 1999; Tubelis & Cavalcanti 2000). Assim, a evidência de que pode estar ocorrendo em relação a estes últimos, dentre os quais o Cerrado, advém sobretudo de maneira indireta e, talvez, distorcida.

O Cerrado, ou domínio morfoclimático dos Cerrados (Ab'Saber 1977), é a maior, mais rica e provavelmente mais ameaçada região de savanas tropicais do mundo (Silva & Bates 2002). Cobrindo originalmente uma área estimada entre 1,8 e 2,0 milhões de km² (Machado et al. 2004), localiza-se principalmente no Brasil Central, abrangendo ainda pequenas porções do nordeste do Paraguai e leste da Bolívia. É o segundo maior bioma da América do Sul, sendo superado em área apenas pela Amazônia.

As fitofisionomias do Cerrado são bastante variadas, devido sobretudo a fatores edáficos e a variações locais de relevo. Ribeiro e Walter (1998) as subdividem em 11 tipos principais, a saber: 1) mata ciliar, 2) mata de galeria, 3) mata seca, e 4) cerradão, entre as formações florestais; 5) cerrado sentido restrito, 6) parque de cerrado, 7) palmeiral, e 8)

vereda, entre as formações savânicas; 9) campo sujo, 10) campo limpo, e 11) campo rupestre, entre as formações campestres.

A biodiversidade do Cerrado permanece pouco conhecida, o que pode ser representado pelo estágio do conhecimento disponível para a avifauna. Considerando como intensamente amostradas aquelas localidades em que haviam sido capturados mais de 80 espécimes ou registradas mais de 100 espécies, Silva (1995a) concluiu que cerca de 70% do bioma sequer foram amostrados adequadamente para este grupo animal, apesar da Classe Aves ser um dos grupos biológicos mais bem conhecidos. Ao contrário do que se pensava há algum tempo, porém, os dados disponíveis indicam que a biodiversidade do bioma é elevada, com mais de 10.000 espécies de plantas, 161 de mamíferos, 837 de aves, 120 de répteis e 150 de anfíbios (Myers et al. 2000).

Além dessa expressiva riqueza de espécies de grupos variados, o Cerrado apresenta também um significativo número de endemismos para vários grupos de animais e, principalmente, plantas. De modo geral, estima-se que 44% das plantas do Cerrado sejam endêmicas (Myers et al. 2000), número que pode ser superior a 70% em alguns grupos, como espécies da família Velloziaceae associadas aos campos rupestres (Filgueiras 2002). No caso dos répteis, o nível de endemismo pode chegar a 38% do total de espécies (Colli et al. 2002).

Porém, de toda a vasta área geográfica original compreendida pelo Cerrado, estima-se que apenas 34,2% permaneçam inalterados (Machado et al. 2004), como resultado de um período de pouco mais de 50 anos de ocupação antrópica em larga escala. Essas características, i.e., elevada diversidade biológica e de endemismos, associadas à drástica perda da vegetação original em um curto período de tempo devido à ação antrópica, levaram à classificação do Cerrado como um dos 34 *hotspots* terrestres mundiais (Mittermeier et al. 2004). Mantidas as atuais taxas de desmatamento do Cerrado, em torno

de 1,1% ao ano, Machado et al. (2004) concluíram que o bioma terá desaparecido completamente no ano de 2030. Assim, considerando-se a forte pressão antrópica sobre a biodiversidade do Cerrado, é provável que o bioma esteja caminhando rapidamente rumo às extinções em massa previstas por Myers (1988).

As primeiras pesquisas envolvendo ambientes fragmentados tratavam fragmentos como “ilhas de hábitat”, cujo número de espécies resultava de um equilíbrio dinâmico entre as taxas de extinção e colonização (MacArthur & Wilson 1967). Atualmente, porém, há a percepção de que as dinâmicas pertinentes a um fragmento são afetadas por fatores externos, os quais variam conforme a estrutura do mosaico muda (Wiens 1995). O processo de extinções em paisagens fragmentadas não ocorre de forma aleatória, mas sim como uma resposta de cada espécie (dada em função de suas características biológicas) às novas condições da paisagem (área remanescente de hábitats originais, grau de isolamento e heterogeneidade entre estes, proporção entre hábitats de borda e de interior) proporcionadas pelos fragmentos e pelo mosaico originado com a fragmentação (Wiens 1989). Patterson (1987) ressalta a importância dessa previsibilidade de extinções e da composição da biota para a biologia da conservação. Ele indica que a natureza não aleatória da extinção pode levar taxocenoses de fragmentos pequenos a convergir ao longo do tempo, apesar de diferenças iniciais, com a sobrevivência de espécies amplamente distribuídas e generalistas e a extinção de espécies locais e mais raras. Essa convergência entre biotas de fragmentos de tamanhos variados ficou conhecida como “nestedness” (aqui traduzido como “hierarquização” ou “formação de subconjuntos hierárquicos”), fenômeno que vem sendo amplamente investigado (e.g., Blake 1991; Cutler 1991; Atmar & Patterson 1993; Cook 1995; Fleishman et al. 2002; Hylander et al. 2005).

A formação de subconjuntos hierárquicos constitui um tipo particular de padrão de distribuição, revelado por meio de uma matriz de presença e ausência de espécies. Um

conjunto de taxocenoses em um arquipélago é dito hierárquico quando as espécies constituintes de taxocenoses de ilhas mais pobres em espécies tendem a estar presentes também nas taxocenoses mais ricas (Patterson 1987; Wright et al. 1998). Em subconjuntos hierárquicos perfeitos nenhuma espécie que ocorre em uma amostra menos diversa deixa de ocorrer também nas amostras mais diversas (Boecklen 1997); porém, estes raramente são formados, tendendo a haver a ausência de espécies amplamente distribuídas nas taxocenoses mais ricas ou mesmo a presença de espécies incomuns em faunas depauperadas (Cutler 1991).

O presente trabalho objetivou investigar se o processo de fragmentação do Cerrado causa a perda de elementos em taxocenoses de aves de forma direcional e previsível, resultando na formação de subconjuntos hierárquicos em fragmentos originados a partir de suas situações distintas: a) naturalmente há milhares de anos, como decorrência de ciclos de expansão e retração do bioma devido a variações climáticas, e b) recentemente, em decorrência da ação antrópica (conversão de áreas para agricultura). Adicionalmente, foi investigado se há associação entre a área dos fragmentos e riqueza de espécies ou entre área e sensibilidade das espécies a alterações de hábitat, e também se os fragmentos naturais estudados apresentam menor riqueza de espécies que fragmentos de origem antrópica, devido ao maior tempo decorrido desde a fragmentação.

2. Métodos

2.1. Áreas de Estudo

Foram investigados treze fragmentos (Figuras 1 e 2, Tabela 1), agrupados em dois blocos amostrais, localizados em duas regiões geográficas brasileiras distintas. Estes diferem não apenas quanto a aspectos climatológicos, mas também quanto à sua origem, à matriz de paisagens em que se encontram inseridos e ao tempo decorrido desde seu

isolamento. O primeiro bloco amostral é composto de sete fragmentos de vegetação aberta localizados na porção sudeste do estado de Rondônia, nos municípios de Vilhena (fragmentos RO-1 a RO-3) e Pimenta Bueno (fragmentos RO-4 a RO-7; Figura 1, Tabela 1). A região está no limite noroeste da distribuição do bioma Cerrado, já em sua zona de transição com a Amazônia. As temperaturas médias anuais na região variam de 19 a 31° e a pluviosidade média anual é de aproximadamente 2000 mm. Há estações bem marcadas de seca e chuva, sendo o trimestre mais seco de junho a agosto e o mais chuvoso de dezembro a fevereiro (SUDAM 1984). Evidências obtidas a partir da datação de isótopos de C presentes na matéria orgânica de sedimentos da divisa dos estados do Amazonas e Rondônia indicam que naquela região o Cerrado sofreu uma expansão durante um período climático seco, ocorrido entre 9.000 e 3.000 anos atrás. Posteriormente, o clima voltou a tornar-se mais úmido, propiciando a volta da expansão da floresta e dando origem aos isolados naturais de Cerrado presentes ainda hoje naquela região (Freitas et al. 2001). Portanto, estima-se que as áreas amostrais de Rondônia tenham permanecido isoladas da área nuclear do Cerrado por pelo menos 3.000 anos. Neste bloco amostral, os fragmentos de Cerrado encontram-se inseridos em uma matriz em que predominam áreas de florestas úmidas amazônicas, geralmente já exploradas para a extração de madeira, e pastagens onde ocorre a criação de gado de forma extensiva, originadas a partir da conversão de florestas.

O segundo bloco amostral é composto de seis fragmentos localizados na divisa dos estados de Minas Gerais e Goiás (Figura 2, Tabela 1), ou seja, na área nuclear do bioma Cerrado. Por uma questão de simplificação, ao longo do texto estes fragmentos são citados em seu conjunto como “fragmentos do Brasil Central”, e individualmente pelos códigos BC-1 a BC-6. As temperaturas médias anuais na região variam de 17 a 29° e a pluviosidade média anual é de aproximadamente 1.600 mm. Nesta região também há duas estações bem marcadas de seca e chuva, sendo o trimestre mais seco de junho a agosto e o mais chuvoso

de novembro a janeiro (INMET 2005). Segundo relato dos proprietários das áreas de estudo e de moradores da região, seu isolamento ocorreu entre duas e três décadas atrás, em decorrência da implantação em larga escala de monoculturas, sobretudo soja e sorgo. Trata-se, portanto, de um histórico de ocupação bastante recente e representativo do que vem ocorrendo na área nuclear do bioma Cerrado.

2.2. Coleta de dados

Os dados sobre a composição das taxocenoses de aves dos fragmentos foram obtidos por meio de quatro expedições a campo, com duração média de 28 dias cada. Estas foram realizadas em julho (estação seca) e dezembro (estação chuvosa) de 2000 e em maio de 2002 (estação seca), nos fragmentos de Rondônia, e em novembro de 2001 (final da estação seca/início da estação chuvosa), nos fragmentos do Brasil Central (Tabela 1). Considerando-se a sazonalidade climática do Cerrado, que por sua vez afeta os períodos de migração e reprodução da avifauna, o fato das áreas amostrais do Brasil Central terem sido amostradas em uma única ocasião pode ter influenciado os resultados.

Foram realizados censos visuais e auditivos, coletas de espécimes com redes ornitológicas e arma de fogo, além de observações gerais da avifauna com binóculo 8 x 30. Os censos foram realizados utilizando-se o método de contagem por pontos (Hutto et al. 1986), por um período de três dias consecutivos em cada fragmento, nas expedições de julho e dezembro de 2002 (Rondônia) e novembro de 2001 (Brasil Central). Durante os censos, realizados a uma distância mínima de 200 m e por intervalos diários de 4,5 horas (desde o nascer do sol até por volta de 10:30 h, período de maior atividade das aves), foram registradas todas as espécies observadas ou ouvidas em intervalos padronizados de 10 min de duração. Espécies observadas ou ouvidas apenas sobrevoando as áreas, porém, foram excluídas da análise. Os pontos de censos foram distribuídos por toda a extensão dos

fragmentos, utilizando-se a orientação em campo por meio de GPS, de modo a obter-se uma melhor representatividade das fitofisionomias abertas. Os censos foram completamente gravados, utilizando-se um gravador SONY TCD5 PROII e um microfone direcional Sennheiser ME66. Posteriormente, todos os registros foram digitalizados à frequência de 44.100 Hz, utilizando-se o programa Sound Forge (SonicFoundry 1999). Este procedimento permitiu a composição de uma base de dados digital das vocalizações de aves presentes nas áreas de estudo e, ainda, o intercâmbio dos registros com outros colegas ornitólogos (Dante Buzzetti e Rômulo Ribon), visando à solução de dúvidas relativas às identificações.

As coletas de espécimes foram realizadas durante as expedições de novembro de 2001 (Brasil Central) e maio de 2002 (Rondônia). Foram utilizadas 20 redes ornitológicas de 12,0 m x 2,5 m e 36 mm de malha, abertas simultaneamente. Em cada área amostral as redes permaneceram abertas das 06:00 h às 10:30 h por um período de três dias consecutivos, totalizando cerca de 270 horas-rede para cada fragmento estudado. Exceções foram o fragmento RO-3, que na ocasião das coletas havia deixado de existir, por ter sido convertido em uma plantação de soja, e o fragmento BC-2, que foi amostrado durante apenas 180 horas-rede devido às chuvas (Tabela 1). Os espécimes coletados com arma de fogo referiram-se principalmente a espécies não capturadas por meio das redes. Todos os espécimes coletados foram taxidermizados ainda durante as expedições e posteriormente incorporados à Coleção Ornitológica Marcelo Bagno (COMB), da Universidade de Brasília. As coletas foram autorizadas pelo Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) por meio das licenças de número 183/2001–DIFAS/DIREC e 053/2002-CGFAU/LIC.

2.3. Análises

Embora no Cerrado predominem fitofisionomias abertas, Silva (1995b) constatou que 51,8% das espécies de aves que se reproduzem no bioma são principalmente dependentes de habitats florestais. Assim, para caracterizar as taxocenoses de aves presentes nos fragmentos e realizar as demais análises deste estudo, as espécies foram classificadas segundo seu grau de dependência de habitats florestais e seu nível de sensibilidade às alterações de habitat (Anexo 1), com base nos trabalhos de Silva (1995b) e Stotz *et al.* (1996), respectivamente. Dessa forma, a cada espécie foi atribuído um dos seguintes três níveis de dependência florestal (Silva 1995b): 1) independente, para espécies associadas a fitofisionomias abertas (vereda, campo limpo, campo sujo, campo cerrado, cerrado *sensu stricto* e campo rupestre), 2) semidependente, no caso de espécies que ocorrem tanto nas fitofisionomias abertas quanto em formações florestais, incluindo a campina (vegetação arbórea sobre areia branca), e 3) dependente, para espécies que ocorrem principalmente em formações florestais (cerradão, mata de galeria e floresta seca). No que se refere à sensibilidade a alterações de habitat, foi utilizada a classificação de Stotz *et al.* (1996), que consiste em três categorias de sensibilidade: Alta (A), Média (M) e Baixa (B). Esta classificação foi empregada segundo o conceito geral de que quanto maior o nível de sensibilidade das espécies, maior a probabilidade de seu desaparecimento de paisagens alteradas, em decorrência da perda ou fragmentação de habitats. Ambas as classificações (preferência e sensibilidade a alterações de habitat) foram elaboradas a partir da larga experiência de campo de seus autores no estudo da avifauna neotropical e vêm sendo utilizadas em estudos ornitológicos (e.g., Marini 2001; Roda & Carlos 2004). As classificações das espécies segundo seus graus de dependência de habitats florestais e sensibilidades a alterações de habitat encontram-se no Anexo 1.

Para investigar a existência de associação entre a área e riqueza de espécies dos fragmentos ou entre área e sensibilidade das espécies a alterações do hábitat foi calculado o coeficiente de correlação de Spearman, utilizando-se o programa BioEstat 3.0 (Ayres et al. 2003). Estas foram realizadas quatro vezes para cada bloco amostral, considerando-se inicialmente todas as espécies e, posteriormente, cada categoria de preferência de hábitat individualmente. A hipótese de que há diferença entre a riqueza de taxocenoses de aves de fragmentos naturais e antrópicos foi testada realizando-se uma ANOVA de um fator. Já a hipótese de que há diferenças no número de espécies de aves de fragmentos naturais e antrópicos em cada categoria de preferência de hábitat (espécies independentes, semidependentes e dependentes de floresta) foi testada realizando-se uma MANOVA. Previamente a estas análises, os dados foram testados quanto à normalidade (Shapiro-Wilk), à inexistência de outliers univariados (valores de $Z > +/- 3,29$) e multivariados (distância de Mahalanobis $> \chi^2_{0,001,3} = 16,266$). Estas análises foram realizadas com o programa SAS (SAS-Institute 2000).

Uma série de índices vêm sendo utilizados para avaliar a formação de subconjuntos hierárquicos. Embora todos se utilizem de matrizes de presença-ausência de espécies, estes variam em relação aos parâmetros incluídos na análise (revisão dos índices disponíveis em Wright et al. 1998). No presente estudo, optou-se pela utilização da estatística T, proposta por Atmar e Patterson (1993). A variável calculada, denominada “temperatura” por sua semelhança com o conceito de calor (ou entropia), varia de 0° a 100° e fornece uma medida da desordem (ou “calor biogeográfico”) da matriz analisada. Esta avalia ausências e presenças inesperadas de espécies nos fragmentos estudados, utilizando-se de maneira semelhante do conceito de “imprevisibilidade” (*unexpectedness*) proposto por Cutler (1991).

O cálculo da temperatura da matriz inicia-se com um rearranjo dos dados para uma condição de máxima hierarquização, sem prejuízo da informação principal contida na mesma, ou seja, de quais espécies estão presentes ou ausentes em cada um dos fragmentos. Dessa forma, o fragmento que apresenta o maior número de espécies é reposicionado na linha mais acima da nova matriz, e a espécie presente em um maior número de fragmentos passa a ocupar sua coluna mais à esquerda. Esse rearranjo, denominado “empacotamento”, objetiva gerar uma condição de máxima hierarquização ou, em outras palavras, a mais baixa temperatura possível para a matriz de dados. A presença de espécies (colunas) nos fragmentos (linhas) é representada por meio de uma célula preenchida e sua ausência assinalada por uma célula vazia. A linha hipotética, que vai do canto inferior esquerdo ao canto superior direito da matriz, separando a área preenchida da matriz daquela não preenchida, é denominada “limiar de extinção ou de ocorrência”, já que as espécies ao longo desta linha têm as maiores probabilidades de tornarem-se extintas nos fragmentos. Em uma matriz perfeitamente hierárquica (temperatura do sistema igual a 0°), o conjunto de espécies de qualquer fragmento será um subconjunto perfeito daqueles apresentados pelos fragmentos que o precedem na matriz. Assim, a matriz terá um formato triangular, uma vez que será completamente preenchida na parte acima do limiar de extinção e completamente não preenchida na parte abaixo deste.

A existência de subconjuntos perfeitamente hierárquicos é uma condição apenas teórica. Na prática, ausências inesperadas (células vazias acima do limiar de extinção) e presenças inesperadas (células preenchidas abaixo do limiar de extinção) sempre ocorrerão, tendendo a agrupar-se nas proximidades do limiar de extinção em matrizes que apresentem baixa temperatura (baixa aleatoriedade). À medida que a aleatoriedade do sistema é aumentada, porém, presenças e ausências inesperadas de espécies tendem a se afastar do limiar de extinção. A temperatura da matriz é justamente uma medida da

imprevisibilidade, baseada na extensão dessa penetração de presenças e ausências inesperadas, tendo como referência o limiar de extinção.

Outro conceito importante na análise de subconjuntos hierárquicos é o de idiosincrasia, ou espécie idiosincrática. Eventos aleatórios criam uma faixa de “ruído” ao longo do limiar de extinção. Eventos coerentes, porém, geram picos idiosincráticos nas temperaturas de espécies ou ilhas, que são muito mais elevadas do que a temperatura geral da matriz. Em matrizes altamente hierárquicas, todas as ilhas e espécies contribuem bastante uniformemente para a temperatura do sistema da matriz. Contudo, quando as temperaturas não são distribuídas uniformemente através das ilhas e espécies, histórias biogeográficas diferentes dos processos que comandaram a origem da hierarquização na matriz como um todo são sugeridas para estas ilhas e espécies em particular (Atmar & Patterson 1993).

O cálculo dos valores de T para os conjuntos de fragmentos amostrais analisados foi realizado utilizando-se o programa *Nestedness Temperature Calculator* (Atmar & Patterson 1995). Este também foi utilizado para estimar a probabilidade se obter ao acaso uma matriz de temperatura mais baixa que a calculada, utilizando-se os mesmos dados das taxocenoses estudadas, o que equivale à significância do valor de T calculado. Assim, para cada bloco amostral (Rondônia e Brasil Central) foram geradas distribuições dos valores de T de 1.000 matrizes aleatórias, utilizando-se técnicas de Monte Carlo. À semelhança das demais análises, estas foram realizadas de duas formas distintas para cada bloco amostral, a saber: 1) considerando-se todas as espécies registradas nos fragmentos, 2) considerando-se separadamente três grupos de espécies, segundo suas preferências de habitats (independente, semidependente ou dependente de floresta). Isso resultou em quatro análises de formação de subconjuntos hierárquicos para cada bloco amostral.

3. Resultados

3.1. Estrutura das taxocenoses

No conjunto de fragmentos naturais de Rondônia foram registradas 146 espécies de aves (Tabela 2, Anexo 1). Houve pouca variação no número de espécies entre as categorias de preferência de hábitat, com 48 espécies (32,9%) dependentes, 50 (34,2%) semidependentes e 48 (32,9%) independentes de florestas. O fragmento RO-1 apresentou a maior riqueza, com 72 espécies, o que equivale a 49,3% do total registrado para o bloco amostral de Rondônia. Neste fragmento, o segundo maior estudado em Rondônia, com 7.314,81 ha, houve predomínio de espécies independentes de habitats florestais ($n = 32$; 44,4%), e o total de espécies nesta categoria foi equivalente a 66,7% de todas as espécies independentes de floresta registradas no bloco amostral. Estas predominaram também nos fragmentos RO-7, o maior de todos, com 7.481,71 ha ($n = 64$; independentes = 27; 57,4% do total de Rondônia) e RO-3, de apenas 135,72 ha ($n = 40$; independentes = 17; 35,4% do total de espécies independentes de Rondônia). A riqueza dos demais fragmentos, bem como as porcentagens relativas para cada categoria de hábitat, encontram-se na Tabela 2.

Quanto ao nível de sensibilidade a alterações de hábitat, considerando-se todos os fragmentos concomitantemente, houve um acentuado predomínio de espécies com baixa sensibilidade ($n = 92$; 63,0%), seguidas daquelas com média sensibilidade ($n = 43$; 29,5%) e com alta sensibilidade ($n = 11$; 7,5%). Quando analisados separadamente, o único fragmento que apresentou uma porcentagem de espécies com baixa sensibilidade a alterações de hábitat inferior ao padrão geral foi RO-1 ($n = 45$; 62,5% das espécies de sua taxocenose; Tabela 2).

A análise combinada das variáveis “preferência de habitats” e “sensibilidade a alterações de hábitat” evidenciou um predomínio de espécies semidependentes de florestas e que apresentam baixa sensibilidade às alterações de hábitat ($n = 40$; 27,4%). Espécies

independentes de floresta e altamente sensíveis a alterações de hábitat foram registradas somente nos fragmentos RO-1 (n = 2; 100% do total) e RO-7 (n = 1; 50% do total), os maiores de Rondônia. O número de espécies presentes nos fragmentos de Rondônia, agrupadas quanto à preferência de habitats e sensibilidade a alterações de hábitat, encontra-se na Tabela 2.

Nos fragmentos antrópicos do Brasil Central foram registradas 130 espécies de aves, considerando-se simultaneamente todos os fragmentos (Tabela 3, Anexo 1). A maioria (68; 52,3% do total) compreendeu espécies independentes de habitats florestais, seguindo-se espécies semidependentes (43; 33,1%) e dependentes (19; 14,6%) de florestas. O fragmento BC-6, de apenas 33,30 ha, apresentou a maior riqueza, com 77 espécies, o equivalente a 59,2% do total de espécies do bloco amostral do Brasil Central. Neste fragmento predominaram espécies independentes de floresta (n = 42; 54,5%) e o número de espécies desta categoria no fragmento foi equivalente a 61,8% do total de espécies independentes de floresta registradas no Brasil Central. Espécies independentes de floresta predominaram também em todos os demais fragmentos deste bloco amostral, sendo que em outros três (BC-1, BC-2 e BC-5) o número de espécies desta categoria de preferência de hábitat foi superior a 50,0% do total de espécies independentes registradas no conjunto de fragmentos do Brasil Central. Dois fragmentos (BC-1 e BC-6) apresentaram também a ocorrência de mais de 50,0% de todas as espécies presentes no bloco amostral. A riqueza de espécies dos fragmentos do Brasil Central, bem como as porcentagens relativas para cada categoria de hábitat, encontram-se na Tabela 3.

A maioria (n = 92; 63,1%) das espécies dos fragmentos de Cerrado investigados no Brasil Central apresenta baixa sensibilidade a alterações de hábitat, seguidas de espécies com média sensibilidade (n = 46; 35,4%) e daquelas com alta sensibilidade a alterações (n = 2; 1,5%). Considerando-se ambas as variáveis simultaneamente, houve predomínio de

espécies independentes de florestas e com baixa sensibilidade a alterações ($n = 46$; 35,4%). Ainda, uma única espécie (0,8%) independente de floresta e altamente sensível a alterações de hábitat foi registrada, e apenas no fragmento BC-2. O número de espécies presentes nos fragmentos do Brasil Central, agrupadas quanto à preferência e sensibilidade a alterações de hábitat, encontra-se na Tabela 3.

3.2. Relação entre área, riqueza, preferência e sensibilidade a alterações de habitats

Houve correlação estatisticamente significativa entre área e riqueza total de espécies dos fragmentos para o bloco amostral de Rondônia ($r_s = 0,86$; $p = 0,014$; $n = 7$), ou seja, quando consideradas todas as espécies juntas, e ainda entre área e o número de espécies que apresentam baixa sensibilidade a alterações de hábitat ($r_s = 0,96$; $p = 0,001$; $n = 7$). As demais relações, ou seja, entre área e grupos de espécies segundo suas preferências de hábitat ou segundo sensibilidade a alterações de hábitat (à exceção das espécies com baixa sensibilidade) não foram significantes (Tabela 4).

Nos fragmentos do Brasil Central, por sua vez, não houve correlação estatisticamente significativa entre área e riqueza de espécies ($r_s = 0,64$; $p = 0,173$; $n = 6$), nem mesmo quando as espécies foram analisadas segundo suas preferências de hábitat ou categorias de sensibilidade a alterações de hábitat. Há que se ressaltar, contudo, que não foi possível investigar a existência de correlação entre área e o número de espécies com alta sensibilidade a alterações de hábitat, já que estas não foram registradas em quatro dos seis fragmentos amostrados (Tabela 4).

3.3. Comparações acerca da riqueza de fragmentos naturais e antrópicos

Não houve diferença estatisticamente significativa entre a riqueza total de fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado ($F_{1,11} = 0,00$; $p = 0,9950$, ANOVA). Porém,

houve diferença no número de espécies presentes em cada uma das três categorias de preferência de hábitat em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado (Wilks' $\lambda_{3,9} = 0,164$; $p = 0,0007$, MANOVA). Estas diferenças referiram-se a um maior número de espécies dependentes de floresta nos fragmentos naturais de Rondônia e a um maior número de espécies independentes de floresta em taxocenoses de aves nos fragmentos antrópicos do Brasil Central. Os resultados dos testes estatísticos relativos a estas comparações encontram-se na Tabela 5.

3.4. Análises da formação de subconjuntos hierárquicos e de idiosincrasias

A análise da formação de subconjuntos hierárquicos nos fragmentos de Rondônia com todas as espécies incluídas resultou em uma temperatura do sistema de $53,71^\circ$ (Figura 3). A hipótese de que este padrão poderia ter sido gerado ao acaso não foi rejeitada [$p(T < 53,71^\circ) = 0,380$]. Análises separadas, considerando-se as preferências de habitats das espécies, evidenciaram que apenas para as espécies independentes de florestas ocorre a formação de subconjuntos hierárquicos cuja origem pode ser atribuída a processos não aleatórios [$T = 35,56^\circ$, $p(T < 35,56^\circ) = 0,003$; Figura 3, Tabela 6]. Dezoito das 47 espécies independentes de floresta registradas em Rondônia revelaram-se idiosincráticas (Anexo 1, Tabela 6), ou seja, apresentaram temperaturas acima daquela apresentada pela matriz como um todo, refletindo presenças ou ausências inesperadas nos fragmentos. Com exceção de uma única, que apresenta sensibilidade média, todas as demais espécies apresentam baixa sensibilidade a alterações de hábitat.

A análise da formação de subconjuntos hierárquicos nos fragmentos do Brasil Central produziu resultados bastante diferentes dos de Rondônia. Tanto todas as espécies combinadas [$T = 37,39^\circ$, $p(T < 37,39^\circ) = 0,001$], quanto espécies dependentes [$T = 13,14^\circ$, $p(T < 13,14^\circ) = 0,008$] e semidependentes de florestas [$T = 35,06^\circ$, $p(T < 35,06^\circ) = 0,049$]

evidenciaram a formação de subconjuntos hierárquicos, cuja origem pode ser atribuída a processos não aleatórios (Figura 3, Tabela 6). A análise concomitante de todas as espécies indicou 46 idiossincrasias nos fragmentos do Brasil Central (Anexo 1, Tabela 6). Destas, cinco são dependentes, 12 são semidependentes e 29 são independentes de floresta. Dentre todas, apenas *Cypsnagra hirundinacea*, espécie independente de floresta, é altamente sensível à alteração de habitats. A análise em separado das espécies dependentes de floresta indicou nove idiossincrasias (Anexo 1, Tabela 6), cinco das quais apresentando sensibilidade média e quatro sensibilidade baixa à alteração de habitats. Por fim, a análise de espécies semidependentes de floresta indicou a existência de 15 idiossincrasias (Anexo 1, Tabela 6), das quais cinco apresentam sensibilidade média e dez sensibilidade baixa à alteração de habitats.

4. Discussão

Ao analisar biogeograficamente a avifauna, Silva (1995a) concluiu que o principal processo responsável pela origem da elevada diversidade de espécies de aves do Cerrado foi o intercâmbio com biomas vizinhos, ocorrido durante flutuações climáticas no Pleistoceno-Holoceno. O autor referia-se principalmente à existência de elementos amazônicos e da Mata Atlântica em meio à área nuclear do Cerrado, que ali teriam chegado seguindo florestas de galeria. O mesmo ocorre em uma escala local nos fragmentos naturais de Cerrado de Rondônia, localizados na zona de transição com a Amazônia, de onde praticamente inexistiam dados sobre a avifauna de áreas abertas. Nestes fragmentos, a avifauna apresentou uma profunda influência de espécies dependentes ou semidependentes de florestas (somadas, estas duas categorias de preferência de habitat abrangeram 67,8% das espécies), como resultado de uma matriz predominantemente florestal. Ilustrando a influência amazônica, nove das 146 espécies

registradas nos fragmentos em Rondônia são elementos que não constam da lista de aves do Cerrado reconhecida por Silva (1995b). São elas: o acipitrídeo *Harpagus bidentatus*, os troquilídeos *Phaethornis malaris*, *Polytmus theresiae* e *Discosura langsdorffi*, o dendrocolaptídeo *Dendrocolaptes picumnus*, os tiranídeos *Mionectes macconnelli* e *Tyrannulus elatus*, o turdídeo *Turdus ignobilis* e o traupídeo *Thraupis episcopus*. Assim, sua inclusão na lista de espécies de aves do Cerrado, que conta atualmente com 837 espécies, deve ser considerada.

Já nos fragmentos antrópicos do Brasil Central, localizados na área nuclear do Cerrado, onde estes se inserem em uma matriz aberta (áreas agrícolas), houve um predomínio de espécies independentes de habitats florestais, que corresponderam a 52,3% do total. A influência de componentes amazônicos foi a principal causa dos fragmentos antrópicos do Brasil Central não terem apresentado uma maior riqueza que os fragmentos naturais de Rondônia, quando da comparação estatística entre estes dois blocos amostrais. Porém, as diferenças tornaram-se evidentes quando comparamos o número de espécies em cada categoria de preferência de habitats. Esta nova análise evidenciou um maior número de espécies dependentes de floresta nos fragmentos naturais e um maior número de espécies independentes de floresta, típicas de fitofisionomias abertas, nos fragmentos antrópicos. Isso pode estar indicando apenas uma influência diferencial das matrizes de paisagem sobre os fragmentos destes dois blocos amostrais, conforme discutido acima, ou, alternativamente, que o maior tempo de isolamento pode ter causado a perda de espécies independentes de floresta nos fragmentos naturais. Neste caso, o processo de perda de espécies nos fragmentos do Brasil Central ainda não estaria concluído.

Correlações entre riqueza de espécies e o tamanho das áreas de estudo estão entre as “regras” mais antigas da ecologia (Simberloff & Martin 1991). Apesar disso, estas nem sempre são encontradas. Ao estudar taxocenoses de aves de fragmentos florestais de

Cerrado na região do Triângulo Mineiro, por exemplo, Marini (2001) encontrou os seguintes resultados: correlações positivas entre área e riqueza total de espécies e entre área e a proporção de espécies dependentes de floresta (sensu Silva 1995b); correlação negativa entre área e a proporção de espécies semidependentes de floresta; ausência de correlação entre área e a proporção de espécies independentes de floresta presentes nos fragmentos. O presente estudo evidenciou correlações positivas entre riqueza e tamanho dos fragmentos naturais de Rondônia, mas apenas quando consideradas as riquezas totais de cada fragmento ou o grupo de espécies que apresentam baixa sensibilidade a alterações de hábitat. Nos fragmentos antrópicos do Brasil Central, por sua vez, não foram encontradas quaisquer correlações entre número de espécies e tamanho das áreas, considerando-se tanto a riqueza total de cada área quanto os números de espécies nas três categorias de hábitat ou nas categorias de sensibilidade a alterações de hábitat adotadas. Colli (2003) obteve um padrão geral de ausência de correlações entre a riqueza e o tamanho das áreas para taxocenoses de lagartos, estudando doze dos treze fragmentos incluídos no presente estudo em ambos os blocos amostrais, acrescidos de outros três em Guajará-Mirim (bloco amostral Rondônia), o que concorda em parte com os resultados do presente estudo. Já Brant (2003), estudando os mesmos quinze fragmentos de Colli (2003), obteve um resultado ainda mais inesperado e interessante para moscas da família *Drosophilidae*: os fragmentos de Rondônia não apresentaram correlação significativa entre área e riqueza de espécies, enquanto os fragmentos do Brasil Central a riqueza mostrou-se negativamente correlacionada com a área, ao contrário do que ocorre com a maioria dos grupos biológicos. Contudo, o autor ressalta que o maior número de espécies de *drosofilídeos* nos fragmentos menores do Brasil Central deve-se, em verdade, à colonização destes por espécies oportunistas exóticas à região Neotropical, o que poderá contribuir para a extinção local de espécies nativas. Revisando as hipóteses que buscam

explicar as freqüentes relações espécies-área, Connor & McCoy (1979) as resumiram em três categorias: 1) “diversidade de habitats” (Williams 1964), que defende que conforme se aumenta o tamanho da área amostrada novos habitats com suas espécies associadas são encontradas, e assim o número de espécies aumenta com a área; 2) “área per se” (Preston 1960, 1962; MacArthur & Wilson 1963, 1967), que remove a ênfase sobre a importância de diversidade de habitats e explica o número de espécies como uma função de taxas de imigração e extinção; e 3) “amostragem passiva”, em que a correlação entre espécies e áreas é vista apenas como um fenômeno de amostragem passiva do conjunto de espécies, já que maiores áreas conteriam mais amostras do que as menores, resultando em mais espécies. Connor & McCoy (1979) ressaltam ainda que, mesmo em uma única localidade, uma combinação destas hipóteses pode ser necessária para explicar a existência de correlações espécies-área. Da mesma forma, uma combinação destas hipóteses pode ser necessária para explicar tanto as correlações detectadas entre o tamanho das áreas e o número de espécies dos diferentes grupos biológicos nos fragmentos quanto a ausência destas.

O presente estudo não evidenciou, igualmente, a existência de correlações estatisticamente significantes entre área e sensibilidade a alterações de habitat. Aparentemente, este resultado contraria previsões de que a fragmentação levaria as taxocenoses dos menores fragmentos a convergir ao longo do tempo, com a sobrevivência de espécies amplamente generalistas e a extinção de espécies locais e mais raras (Patterson 1987). Porém, isto deveu-se provavelmente à baixa sensibilidade a alterações de habitats atribuída na classificação de Stotz *et al.* (1996) à maioria das espécies de aves do Cerrado. É interessante notar, contudo, que apenas os fragmentos maiores de Rondônia foram capazes de abrigar as duas únicas espécies independentes de habitats florestais e altamente sensíveis a alterações de habitat (o ralídeo *Micropygia schomburgkii* e o emberizídeo

Charitospiza eucosma, que é endêmica do Cerrado) presentes no bloco amostral. Este padrão não se repetiu nas áreas fragmentadas recentemente do Brasil Central, onde uma única espécie independente de floresta e altamente sensível a alterações de hábitat (o emberizídeo *Cypsnagra hirundinacea*) foi registrada, e somente em uma área de tamanho intermediário (BC-2, de 413,2 ha).

A análise de hierarquização evidenciou padrões opostos nos fragmentos naturais de Rondônia e nos fragmentos antrópicos do Brasil Central. Em Rondônia, somente a análise de espécies independentes de floresta evidenciou a formação de subconjuntos hierárquicos cuja origem pode ser atribuída a processos não aleatórios. Já nos fragmentos antrópicos do Brasil Central, tanto a análise de espécies dependentes quanto de espécies semidependentes de floresta evidenciaram a formação não aleatória de subconjuntos hierárquicos, o que foi decisivo para que a análise simultânea de todas as espécies apresentasse também um padrão significativo de hierarquização. Diversos mecanismos vêm sendo propostos para explicar padrões de hierarquização em taxocenoses, dentre as quais probabilidades diferenciais de extinção, diferenças nas capacidades de imigração das espécies, hierarquização estrutural de hábitats, amostragem passiva, ou ainda uma combinação destes (Cutler 1994; Lomolino 1996; Worthen & Rohde 1996). A partir da comparação dos resultados obtidos para os fragmentos naturais e antrópicos incluídos no presente estudo, hipotetizamos que estes mecanismos podem estar atuando de forma combinada para a geração dos padrões de hierarquização diferenciais observados em Rondônia e no Brasil Central. Nos fragmentos naturais de Rondônia, por exemplo, imigrantes advindos da área nuclear do Cerrado podem ter sido suficientes, durante algum tempo, para manter estáveis parâmetros demográficos e genéticos de populações nos fragmentos, estabelecendo um “efeito resgate” (Brown & Kodric-Brown 1977) em um sistema de metapopulações (sensu Hansson 1991) que incluía subpopulações na área nuclear do Cerrado. Com o avanço da

fragmentação natural e conseqüente isolamento das áreas por uma matriz de florestas, houve uma maior limitação no número de imigrantes independentes de floresta para os fragmentos, de modo que para este grupo o mecanismo de extinção diferencial de espécies começou a atuar de maneira mais intensa, segundo características intrínsecas às espécies. Neste modelo hipotético, duas variáveis assumem um papel chave para explicar os padrões observados atualmente em cada um dos blocos amostrais: o tempo decorrido desde o isolamento e a forma como as espécies interagem com a matriz de paisagem em que os fragmentos estão inseridos. Em um contexto de múltiplas espécies, a matriz de paisagem na qual “ilhas de hábitat” estão inseridas é melhor vista como um “filtro” do que propriamente como uma barreira, cujo efeito é relativo e cumulativo e varia de acordo com o contraste entre os hábitats e a matriz (Meffe & Carroll 1994). Estudos com aves insetívoras de sub-bosque em fragmentos florestais de diversos tamanhos na região de Manaus, por exemplo, corroboraram a evidência de que a manutenção destas espécies em fragmentos pequenos pode depender de suas capacidades de utilizar a matriz de hábitats, e também de que um aumento na permeabilidade da matriz pode ser uma opção para reduzir os efeitos da fragmentação florestal (Antongiovanni & Metzger 2005). Resultados semelhantes foram obtidos por Machado (2000) no estudo de áreas contínuas e isoladas de cerrado *sensu stricto* e matas de galeria localizadas no entorno de Brasília, área nuclear do bioma Cerrado. O autor encontrou evidências de que a riqueza de espécies não está relacionada ao tamanho da área, mas sim à estrutura do entorno. Para as matas de galeria, quanto maior for a quantidade de Cerrado no entorno imediato das áreas (até uma distância de 2,5 km), maior será a riqueza de espécies. Ainda, a criação de pequenas áreas entre os fragmentos nativos é suficiente para permitir uma maior colonização da paisagem. Este aspecto sugere que, dependendo da espécie-alvo, pequenos fragmentos podem ter o mesmo efeito dos corredores e podem ser criados naquelas situações onde a conexão via corredor é

impraticável (Machado 2000). Da mesma forma, outros dados existentes para o Cerrado indicam que aves de florestas de galeria geralmente não adentram além de 150 m (Tubelis et al. 2004) ou 200 m nas savanas adjacentes para forragear (Lins 1994; Bagno & Marinho-Filho 2001), e ainda que a suplementação de paisagens (sensu Dunning et al. 1992) por aves de florestas de galerias é mais elevada em locais com vegetação savânica mais densa (Tubelis et al. 2004). Assim, a matriz de paisagens agrícolas poderia ser um filtro mais eficiente para espécies dependentes e semidependentes de floresta no Brasil Central, enquanto a matriz florestal exerceria um efeito semelhante para aves independentes de floresta em Rondônia. Essas evidências indicam também que o tempo decorrido desde o isolamento das áreas do Brasil Central ainda não foi suficientemente longo para a desestabilização de metapopulações destas espécies, o que provavelmente ocorrerá, a julgar pelos padrões obtidos para os fragmentos naturais de Rondônia.

Nossos resultados em relação à hierarquização das taxocenoses, quando consideradas todas as espécies, foram parcialmente concordantes com os obtidos para lagartos (Colli 2003), que apresentaram padrões significantes de hierarquização tanto em fragmentos naturais quanto antrópicos. Excluídas as espécies amazônicas de lagartos presentes nos fragmentos naturais, o que equivaleria à exclusão de espécies dependentes de floresta naquela região, o padrão de hierarquização foi revertido para não significante, ou seja, plenamente concordante com o padrão de aves. Drosofilídeos, por sua vez, para os quais as análises não foram efetuadas segundo a preferência de habitats das espécies, apresentaram hierarquização significativa em fragmentos naturais e não significativa nos fragmentos antrópicos (Brant 2003), portanto o oposto daquele apresentado para a avifauna. Isto pode refletir diferenças na forma de analisar os dados, uma vez que a subdivisão de taxocenoses segundo preferências de habitat implicou em resultados diferentes dos padrões obtidos para todas as espécies, ou ainda respostas diferenciadas de

cada grupo de organismos segundo suas relações com as novas configurações de paisagens resultantes do processo de fragmentação, o que concorda com resultados obtidos por outros autores (Fleishman et al. 2002; Mac Nally et al. 2002).

5. Conclusões e recomendações

- Nos fragmentos naturais de Rondônia os maiores fragmentos de Cerrado apresentam também maior riqueza de espécies de aves. O mesmo não é válido para os fragmentos antrópicos estudados no Brasil Central, onde não foram evidenciadas correlações significantes entre área dos fragmentos e a riqueza de espécies;
- As espécies de aves independentes de floresta, típicas de fitofisionomias abertas de Cerrado, apresentaram um padrão significativo de hierarquização nos fragmentos naturais de Cerrado de Rondônia. Isso indica a importância de fragmentos grandes para a conservação de aves de fitofisionomias abertas de Cerrado em Rondônia, na medida que além de espécies exclusivas, como aquelas independentes de floresta e altamente sensíveis a alterações de habitats, estes também contêm a maioria das espécies presentes nos fragmentos menores daquela região. A falta de hierarquização de espécies independentes de floresta nos fragmentos de Cerrado do Brasil Central, por sua vez, indica que tanto fragmentos pequenos quanto fragmentos maiores são importantes para sua conservação nos fragmentos antrópicos desta região;
- Em Rondônia, somente fragmentos maiores, com mais de 7.000 ha, foram capazes de abrigar acima de 50% das espécies independentes de floresta presentes em um contexto regional, o que reforça sua importância para a conservação destas espécies naquela região;

- As diferenças nos padrões de hierarquização obtidas ao comparar-se fragmentos naturais de Cerrado em Rondônia, isolados há pelo menos três mil anos, com fragmentos antrópicos isolados há cerca de três décadas no Brasil Central, indicam que o processo de perda de espécies nos fragmentos antrópicos ainda não está concluído. Portanto, estudos de áreas fragmentadas que não considerem o tempo decorrido desde o seu isolamento podem subestimar os efeitos decorrentes da fragmentação;
- A seqüência de espécies a serem perdidas em áreas fragmentadas de Cerrado do Brasil Central irá depender da capacidade de deslocamento destas pela matriz de habitats nas quais os fragmentos estão inseridos. Assim sendo, considerando-se a matriz predominantemente agrícola em que a maioria dos fragmentos antrópicos do Brasil Central se encontram, é provável que espécies de aves dependentes e semidependentes de floresta sejam as primeiras a serem extintas nestas regiões;
- Em Rondônia inexitem Unidades de Conservação voltadas para a conservação do Cerrado. O avanço da soja sobre fragmentos de Cerrado daquela região e no norte do Mato Grosso, facilitada pela construção de um embarcadouro desta *commodity* no rio Madeira, indicam que sua criação naquele estado é urgente, sob pena do bioma deixar de estar representado naquela região.

6. Referências bibliográficas

- Ab'Saber, A. N. 1977. Os domínios morfoclimáticos da América do Sul. Primeira aproximação. *Geomorfologia* **52**:1-21.
- Antongiovanni, M., and J. P. Metzger. 2005. Influence of matrix habitats on the occurrence of insectivorous bird species in Amazonian forest fragments. *Biological Conservation* **122**:441-451.
- Atmar, W., and B. D. Patterson. 1993. The measure of order and disorder in the distribution of species in fragmented habitat. *Oecologia* **96**:373-382.
- Atmar, W., and B. D. Patterson. 1995. The nestedness temperature calculator: a visual basic program, including 294 presence-absence matrices. University Park and The Field Museum, Chicago, IL.
- Ayres, M., M. Ayres Jr., D. L. Ayres, and A. S. dos Santos 2003. *BioEstat 3.0: aplicações estatísticas nas áreas das ciências biológicas e médicas*. Sociedade Civil Mamirauá, Belém, Pará.
- Bagno, M. A., and J. Marinho-Filho. 2001. A avifauna do Distrito Federal: uso de ambientes abertos e florestais e ameaças. Pages 495-528 in J. F. Ribeiro, C. E. L. Fonseca, and J. C. Sousa-Silva, editors. *Cerrado: caracterização e recuperação de Matas de Galeria*. Embrapa, Planaltina, DF.
- Bierregaard, R. O., T. E. Lovejoy, C. Gascon, and R. Mesquita 2002. *Lessons from Amazonia: The Ecology and Conservation of a Fragmented Forest*. Yale University Press, New Haven, Connecticut.
- Blake, J. G. 1991. Nested Subsets and the Distribution of Birds on Isolated Woodlots. *Conservation Biology* **5**:58-66.
- Boecklen, W. J. 1997. Nestedness, biogeographic theory, and the design of nature reserves. *Oecologia* **112**:123-142.

- Brant, A. 2003. Efeitos da fragmentação do Cerrado sobre a diversidade de Drosophilidae (Insecta, Diptera). Page 52. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Brown, J. H., and A. Kodric-Brown. 1977. Turnover rates in insular biogeography: Effect of immigration on extinction. *Ecology* **58**:445-449.
- Cavalcanti, R. B. 1999. Bird species richness and conservation in the Cerrado Region of Central Brazil. Pages 244-249 in P. D. Vickery, and J. R. Herkert, editors. *Ecology and Conservation of Grassland Birds of the Western Hemisphere*. Cooper Ornithological Society.
- CBRO. 2006. Lista Primária das Aves do Brasil. Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Available from <http://www.cbro.org.br> (accessed 14/03/2006).
- Chiarello, A. G. 1999. Effects of fragmentation of the Atlantic forest on mammal communities in south-eastern Brazil. *Biological Conservation* **89**:71-82.
- Colli, G. R. 2003. Estrutura de taxocenoses de lagartos em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado. Pages 171-178 in V. Claudino-Sales, editor. *Ecosistemas Brasileiros: Manejo e Conservação*. Expressão Gráfica e Editora, Fortaleza.
- Colli, G. R., R. P. Bastos, and A. F. B. Araújo. 2002. The character and dynamics of the Cerrado Herpetofauna. Pages 223-241 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova Yorque.
- Collinge, S. K., K. L. Prudic, and J. C. Oliver. 2003. Effects of local habitat characteristics and landscape context on grassland butterfly diversity. *Conservation Biology* **17**:178-187.
- Connor, E. F., and E. D. McCoy. 1979. The statistics and biology of species-area relationship. *American Naturalist* **113**:791-833.

- Cook, R. R. 1995. The Relationship between Nested Subsets, Habitat Subdivision, and Species-Diversity. *Oecologia* **101**:204-210.
- Cook, R. R., and J. F. Quinn. 1995. The Influence of Colonization in Nested Species Subsets. *Oecologia* **102**:413-424.
- Cutler, A. 1991. Nested Faunas and Extinction in Fragmented Habitats. *Conservation Biology* **5**:496-505.
- Cutler, A. 1994. Nested biotas and biogeographical conservation: metrics, mechanisms, and meaning of nestedness. *Landscape and Urban Planning* **28**:73-82.
- Dunning, J. B., B. J. Danielson, and H. R. Pulliam. 1992. Ecological processes that affect populations in complex landscapes. *Oikos* **65**:169-175.
- Filgueiras, T. S. 2002. Herbaceous plant communities. Pages 122-139 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova Yorque.
- Fleishman, E., C. J. Betrus, R. B. Blair, R. MacNally, and D. D. Murphy. 2002. Nestedness analysis and conservation planning: the importance of place, environment, and life history across taxonomic groups. *Oecologia* **133**:78-89.
- Freitas, H. A., L. C. R. Pessenda, R. Aravena, S. E. M. Gouveia, A. S. Ribeiro, and R. Boulet. 2001. Late quaternary vegetation dynamics in the southern Amazon basin inferred from carbon isotopes in soil organic matter. *Quaternary Research* **55**:39-46.
- Hansson, L. 1991. Dispersal and connectivity in metapopulations. Pages 89-103 in M. E. Gilpin, and I. Hanski, editors. *Metapopulation Dynamics: Empirical and Theoretical Investigations*. Linnean Society of London and Academic Press, London.

- Hutto, R. L., S. M. Pletschet, and P. Hendricks. 1986. A fixed-radius point count method for nonbreeding and breeding season use. *Auk* **103**:593-602.
- Hylander, K., C. Nilsson, B. G. Jonsson, and T. Gothner. 2005. Differences in habitat quality explain nestedness in a land snail meta-community. *Oikos* **108**:351-361.
- INMET. 2005. Climatologia. Instituto Nacional de Meteorologia. Available from <http://www.inmet.gov.br/> (accessed 29/10/2005).
- Krauss, J., A. M. Klein, I. Steffan-Dewenter, and T. Tschardt. 2004. Effects of habitat area, isolation, and landscape diversity on plant species richness of calcareous grasslands. *Biodiversity and Conservation* **13**:1427-1439.
- Laurance, W. F., and R. O. Bierregaard 1997. *Tropical Forest Remnants: Ecology, Management and Conservation of Fragmented Communities*. The University of Chicago Press, Chicago.
- Laurance, W. F., and M. A. Cochrane. 2001. Synergistic effects in fragmented landscapes. *Conservation Biology* **15**:1488-1489.
- Laurance, W. F., H. L. Vasconcelos, and T. E. Lovejoy. 2000. Forest loss and fragmentation in the Amazon: implications for wildlife conservation. *Oryx* **34**:39-45.
- Lins, L. V. 1994. O papel da mata ciliar na estruturação de uma comunidade de aves do cerrado (Brasília, DF). Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte.
- Lomolino, M. V. 1996. Investigating causality of nestedness of insular communities: Selective immigrations or extinctions? *Journal of Biogeography* **23**:699-703.
- Mac Nally, R., A. F. Bennett, G. W. Brown, L. F. Lumsden, A. Yen, S. Hinkley, P. Lillywhite, and D. Ward. 2002. How well do ecosystem-based planning units cover different components of biodiversity? *Ecological Applications* **12**:900-912.

- MacArthur, R. H., and E. O. Wilson. 1963. An equilibrium theory of insular zoogeography. *Evolution* **17**: 373-387.
- MacArthur, R. H., and E. O. Wilson 1967. *The Theory of Island Biogeography*. Princeton University Press, Princeton.
- Machado, R. B. 2000. A fragmentação do Cerrado e efeitos sobre a avifauna da região de Brasília-DF. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Machado, R. B., M. B. Ramos Neto, P. G. P. Pereira, E. F. Caldas, D. A. Gonçalves, N. S. Santos, K. Tabor, and M. Steininger. 2004. Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro. *Conservação Internacional*, Brasília, DF.
- Marini, M. A. 2001. Effects of forest fragmentation on birds of the cerrado region, Brazil. *Bird Conservation International* **11**:13-25.
- Meffe, G. K., and C. R. Carroll 1994. *Principles of Conservation Biology*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- Mittermeier, R. A., P. R. Gil, M. Hoffmann, J. Pilgrim, T. Brooks, C. G. Mittermeier, J. Lamoreux, and G. A. B. Fonseca 2004. *Hotspots Revisited*. CEMEX.
- Myers, N. 1988. Tropical forests and their species: Going, going... Pages 28-35 in E. O. Wilson, editor. *Biodiversity*. National Academy Press, Washington, D.C.
- Myers, N., R. A. Mittermeier, C. G. Mittermeier, G. A. B. Fonseca, and J. Kent. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* **403**:853-858.
- Patterson, B. D. 1987. The principle of nested subsets and its implications for biological conservation. *Conservation Biology* **1**:323-334.
- Peterjohn, B. G., and J. R. Sauer. 1999. Population status of North American grassland birds from the North American Breeding Bird Survey 1966-1996. *Studies in Avian Biology* **19**:27-44.
- Preston, F. W. 1960. Time and space and the variation of species. *Ecology* **41**:611-627.

- Preston, F. W. 1962. The canonical distribution of commonness and rarity. *Ecology* **43**:185-215 and 410-432.
- Ribeiro, J. F., and B. M. T. Walter. 1998. Fitofisionomias do bioma Cerrado. Pages 87-166 in S. M. Sano, and S. P. Almeida, editors. *Cerrado: ambiente e flora*. EMBRAPA-CPAC, Planaltina.
- Roda, S. A., and C. J. Carlos. 2004. Composição e sensibilidade da avifauna dos brejos de altitude do estado de Pernambuco. Pages 211-228 in K. C. Porto, J. P. Cabral, and M. Tabarelli, editors. *Brejos de altitude em Pernambuco e Paraíba: história natural, ecologia e conservação*. Ministério do Meio Ambiente, Brasília, DF.
- SAS-Institute. 2000. *The SAS System for Windows*. SAS Institute, Cary, North Carolina.
- Silva, J. M. C. 1995a. Biogeographic analysis of the South American Cerrado avifauna. *Steenstrupia* **21**:49-67.
- Silva, J. M. C. 1995b. Birds of the Cerrado Region, South America. *Steenstrupia* **21**:69-92.
- Silva, J. M. C. 1999. Seasonal movements and conservation of seedeaters of the genus *Sporophila* in South America. Pages 272-280 in P. D. Vickery, and J. R. Herkert, editors. *Ecology and Conservation of Grassland Birds of the Western Hemisphere*. Cooper Ornithological Society.
- Silva, J. M. C., and J. M. Bates. 2002. Biogeographic patterns and conservation in the South American Cerrado: A tropical savanna hotspot. *BioScience* **52**:225-233.
- Simberloff, D., and J. L. Martin. 1991. Nestedness of Insular Avifaunas - Simple Summary Statistics Masking Complex Species Patterns. *Ornis Fennica* **68**:178-192.
- SonicFoundry. 1999. *Sound Forge for Windows 95 and Windows NT*. Sonic Foundry, Madison, Wisconsin.
- Stotz, D. F., J. W. Fitzpatrick, T. A. Parker III, and D. K. Moskovits 1996. *Neotropical birds: Ecology and conservation*. The University of Chicago Press, Chicago.

- SUDAM 1984. Atlas Climatológico da Amazônia Brasileira, Belém, PA.
- Tubelis, D. P., and R. B. Cavalcanti. 2000. A comparison of bird communities in natural and disturbed non-wetland open habitats in the Cerrado's central region, Brazil. *Bird Conservation International* **10**:331-350.
- Tubelis, D. P., A. Cowling, and C. Donnelly. 2004. Landscape supplementation in adjacent savannas and its implications for the design of corridors for forest birds in the Central Cerrado, Brazil. *Biological Conservation* **118**:353-364.
- Wiens, J. A. 1989. *The Ecology of Bird Communities*, vol. 2: Processes and variations. Cambridge University Press, Cambridge.
- Wiens, J. A. 1995. Habitat Fragmentation - Island V Landscape Perspectives on Bird Conservation. *Ibis* **137**:S97-S104.
- Williams, C. B. 1964. *Patterns in the balance of nature*. Academic Press, London.
- Worthen, W. B., and K. Rohde. 1996. Nested subset analyses of colonization-dominated communities: Metazoan ectoparasites of marine fishes. *Oikos* **75**:471-478.
- Wright, D. H., B. D. Patterson, G. M. Mikkelsen, A. Cutler, and W. Atmar. 1998. A comparative analysis of nested subset patterns of species composition. *Oecologia* **113**:1-20.

Tabela 1. Áreas e localização dos fragmentos, esforço amostral empregado e indicação dos períodos de amostragem.

Locais	Área total (ha)	Latitude (°, ', ") S	Longitude (°, ', ") W	Esforço de censos (num. pontos)	Esforço de coleta (horas-rede)	Mês (ano) das amostragens	Estação climática
Rondônia (RO)							
RO-1	7.314,81	12 30 45	60 15 54	54	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-2	1.006,35	12 28 09	60 09 18	53	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva
RO-3	135,72	12 39 29	60 07 18	37	-	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-4	1.091,97	11 44 56	60 43 46	46	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-5	1.530,00	11 45 27	60 49 52	52	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva
RO-6	873,36	11 47 20	60 50 06	54	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-7	7.481,71	11 45 31	61 02 56	55	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva

Tabela 1. (continuação)

Brasil Central							
(BC)							
BC-1	1.326,24	17 29 11	47 19 55	28	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-2	413,82	17 24 36	47 16 47	19	180	nov (01)	transição seca/chuva
BC-3	10,26	17 29 24	47 16 05	21	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-4	6,66	17 34 26	47 08 36	25	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-5	747,18	17 33 29	47 09 47	27	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-6	33,30	17 38 22	47 28 22	28	270	nov (01)	transição seca/chuva

Tabela 2. Riqueza e porcentagem de espécies presentes nos fragmentos de Rondônia, agrupadas segundo sua dependência de florestas, sensibilidade a alterações de hábitat e uma combinação de ambas. n = número de espécies; Todos = todos os fragmentos combinados; % Tax = porcentagem em relação à taxocenose de cada fragmento; % Tot = porcentagem em relação ao total de espécies dos fragmentos de Rondônia.

	Todos		RO-1		RO-2		RO-3		RO-4		RO-5		RO-6		RO-7								
Dep. Hábit. Flor.	n	%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot							
Dependentes	48	32,9	18	25,0	37,5	14	25,5	29,2	10	25,0	20,8	24	38,1	50,0	12	22,2	25,0	14	33,3	29,2	15	23,4	31,3
Semidependentes	50	34,2	22	30,6	44,0	23	41,8	47,1	13	32,5	25,5	26	41,3	51,0	23	42,6	45,1	15	35,7	29,4	22	34,4	43,1
Independentes	48	32,9	32	44,4	66,7	18	32,7	36,2	17	42,5	36,2	13	20,6	27,7	19	35,2	40,4	13	31,0	27,7	27	42,2	57,4
Total	146	100,0	72	100,0	49,3	55	100,0	37,7	40	100,0	27,4	63	100,0	43,2	54	100,0	37,0	42	100,0	28,8	64	100,0	43,8

	Todos		RO-1		RO-2		RO-3		RO-4		RO-5		RO-6		RO-7									
Sens. Alter.	Háb.	n	%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot									
Alta		11	7,5	3	4,2	27,3	2	3,6	18,2	1	2,5	9,1	7	11,1	63,6	1	1,9	9,1	2	4,8	18,2	1	1,6	9,1
Média		43	29,5	24	33,3	55,8	18	32,7	41,9	11	27,5	25,6	14	22,2	32,6	9	16,7	20,9	4	9,5	9,3	12	18,8	27,9
Baixa		92	63,0	45	62,5	48,9	35	63,6	38,0	28	70,0	30,4	42	66,7	45,7	44	81,5	47,8	36	85,7	39,1	51	79,7	55,4

Total	146	100,0	72	100,0	49,3	55	100,0	37,7	40	100,0	27,4	63	100,0	43,2	54	100,0	37,0	42	100,0	28,8	64	100,0	43,8
-------	-----	-------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------

Tabela 2.

Continuação

	Todos		RO-1		RO-2		RO-3		RO-4		RO-5		RO-6		RO-7									
	n	%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot	n	%Tax%Tot								
Dep. Flor. x																								
Sens. Alter.																								
Depend. x alta	9	6,2	1	1,4	11,1	2	3,6	22,2	1	2,5	11,1	7	11,1	77,8	1	1,9	11,1	2	4,8	22,2	0	0,0	0,0	
Depend. x média	19	13,0	8	11,1	42,1	6	10,9	31,6	4	10,0	21,1	9	14,3	47,4	3	5,6	15,8	2	4,8	10,5	5	7,8	26,3	
Depend. x baixa	20	13,7	9	12,5	45,0	6	10,9	30,0	5	12,5	25,0	8	12,7	40,0	8	14,8	40,0	10	23,8	50,0	10	15,6	50,0	
Semidep. x alta	0	0,0	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	
Semidep. x																								
média	10	6,8	3	4,2	30,0	5	9,1	50,0	1	2,5	10,0	5	7,9	50,3	4	7,4	40,0	0	0,0	0,0	3	4,7	30,0	
Semidep. x baixa	40	27,4	19	26,4	47,5	18	32,7	45,0	12	30,0	30,0	21	33,3	52,5	19	35,2	47,5	15	35,7	37,5	19	29,7	47,5	
Independ. x alta	2	1,4	2	2,8	100,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	1	1,6	50,0	
Independ. x																								
média	14	9,6	13	18,1	92,9	7	12,7	50,0	6	15,0	42,9	0	0,0	0,0	2	3,7	14,3	2	4,8	14,3	4	6,3	28,6	

Independ. x

baixa	32	21,9	17	23,6	53,1	11	20,0	34,4	11	27,5	34,4	13	20,6	40,6	17	31,5	53,1	11	26,2	34,4	22	34,4	68,8
Total	146	100,0	72	100,0	49,3	55	100,0	37,7	40	100,0	27,4	63	100,0	43,2	54	100,0	37,0	42	100,0	28,8	64	100,0	43,8

Tabela 3. Riqueza e porcentagem de espécies presentes nos fragmentos do Brasil Central, agrupadas segundo sua dependência de florestas, sensibilidade a alterações de hábitat e uma combinação de ambas. n = número de espécies; Todos = todos os fragmentos combinados; % Tax = porcentagem em relação à taxocenose de cada fragmento; % Tot = porcentagem em relação ao total de espécies dos fragmentos do B. Central.

Dep. Hábitat. Flor.	Todos		BC-1			BC-2			BC-3			BC-4			BC-5			BC-6		
	n	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot
Dependentes	19	14,6	5	7,6	26,3	6	10,7	31,6	3	6,8	15,8	1	2,9	5,3	6	10,7	31,6	11	14,3	57,9
Semidependentes	43	33,1	22	33,3	51,2	13	23,2	30,2	11	25,0	25,6	7	20,0	16,3	15	26,8	34,9	24	31,2	55,8
Independentes	68	52,3	39	59,1	57,4	37	66,1	54,4	30	68,2	44,1	27	77,1	39,7	35	62,5	51,5	42	54,5	61,8
Total	130	100,0	66	100,0	50,8	56	100,0	43,1	44	100,0	33,8	35	100,0	26,9	56	100,0	43,1	77	100,0	59,2

Sens. Alter. Hábitat.	Todos		BC-1			BC-2			BC-3			BC-4			BC-5			BC-6		
	n	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot

Alta	2	1,5	0	0,0	0,0	1	1,8	50,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	1	1,3	50,0
Média	46	35,4	25	37,9	54,3	16	28,6	34,8	11	25,0	23,9	18	51,4	39,1	22	39,3	47,8	22	28,6	47,8
Baixa	82	63,1	41	62,1	50,0	39	69,6	47,6	33	75,0	40,2	17	48,6	20,7	34	60,7	41,5	54	70,1	65,9
Total	130	100,0	66	100,0	50,8	56	100,0	43,1	44	100,0	33,8	35	100,0	26,9	56	100,0	43,1	77	100,0	59,2

Tabela 3. Continuação

De. Flor. x Sens. Alter.	Todos		BC-1			BC-2			BC-3			BC-4			BC-5			BC-6		
	n	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot	n	%Tax	%Tot
Depend. x alta	0	0,0	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-	0	0,0	-
Depend. x média	11	8,5	3	4,5	27,3	5	8,9	45,5	3	6,8	27,3	1	2,9	9,1	4	7,1	36,4	7	9,1	63,6
Depend. x baixa	8	6,2	2	3,0	25,0	1	1,8	12,5	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	2	3,6	25,0	4	5,2	50,0
Semidep. x alta	1	0,8	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	1	1,3	100,0
Semidep. x média	14	10,8	8	12,1	57,1	2	3,6	14,3	4	9,1	28,6	4	11,4	28,6	6	10,7	42,9	5	6,5	35,7
Semidep. x baixa	28	21,5	14	21,2	50,0	11	19,6	39,3	7	15,9	25,0	3	8,6	10,7	9	16,1	32,1	18	23,4	64,3
Independ. x alta	1	0,8	0	0,0	0,0	1	1,8	100,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0	0	0,0	0,0
Independ. x média	21	16,2	14	21,2	66,7	9	16,1	42,9	4	9,1	19,0	13	37,1	61,9	12	21,4	57,1	10	13,0	47,6
Independ. x baixa	46	35,4	25	37,9	54,3	27	48,2	58,7	26	59,1	56,5	14	40,0	30,4	23	41,1	50,0	32	41,6	69,6

Total	130	100,0	66	100,0	50,8	56	100,0	43,1	44	100,0	33,8	35	100,0	26,9	56	100,0	43,1	77	100,0	59,2
-------	-----	-------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------	----	-------	------

Tabela 4. Resultados das análises de correlação entre área e riqueza, número de espécies agrupadas segundo preferências de hábitat (Dep. = dependente, Semid. = semidependente, Indep. = independente de floresta) e segundo a sensibilidade de alterações de hábitat (Alta, Média e Baixa), para os blocos amostrais Rondônia (RO) e Brasil Central (BC). r_s = coeficiente de correlação de Spearman; p = significância; n = número de pares.

	Área x Riq.	Área x Dependência de floresta			Área x Sensibilidade		
RO	Todas	Dep.	Semid.	Indep.	Alta	Média	Baixa
r_s	0,86	0,56	0,34	0,73	0,02	0,39	0,96
p	0,014	0,192	0,452	0,064	0,968	0,383	0,001
n	7	7	7	7	7	7	7

	Área x Riq.	Área x Dependência de floresta			Área x Sensibilidade		
BC	Todas	Dep.	Semid.	Indep.	Alta	Média	Baixa
r_s	0,64	0,46	0,66	0,60	-	0,67	0,60
p	0,173	0,354	0,156	0,208	-	0,148	0,208
n	6	6	6	6	6	6	6

Tabela 5. Resultados das comparações entre os blocos amostrais Rondônia (RO) e Brasil Central (BC) quanto à riqueza e ao número de espécies segundo suas preferências de hábitat. Dep. = dependentes, Semid. = semidependentes e Indep. = espécies independentes de floresta; p = significância.

Parâmetro	Resultado	p	Média RO	Média BC
Riqueza	$F_{1,11} = 0,00$	0,9950	55,71	55,67
Dep. x Semid. x Indep.	Wilks' $\lambda_{3,9} = 0,164$	0,0007	-	-
Dep.	$F_{1,11} = 19,26$	0,0011	15,29	5,33
Semid.	$F_{1,11} = 3,04$	0,1089	20,86	15,33
Indep.	$F_{1,11} = 19,07$	0,0011	19,57	35,00

Tabela 6. Resultados das análises de formação de subconjuntos hierárquicos para os blocos amostrais Rondônia e Brasil Central. Todas = conjunto de espécies do bloco amostral.

Espécies agrupadas segundo a dependência de floresta: Dep. = dependente, Semid. = semidependente, Indep. = independente. T = temperatura do sistema. p = probabilidade, calculada por técnicas de Monte Carlo (1.000 repetições). n = número de espécies incluídas na análise. Idios. = número de espécies idiosincráticas, em eventos significantes.

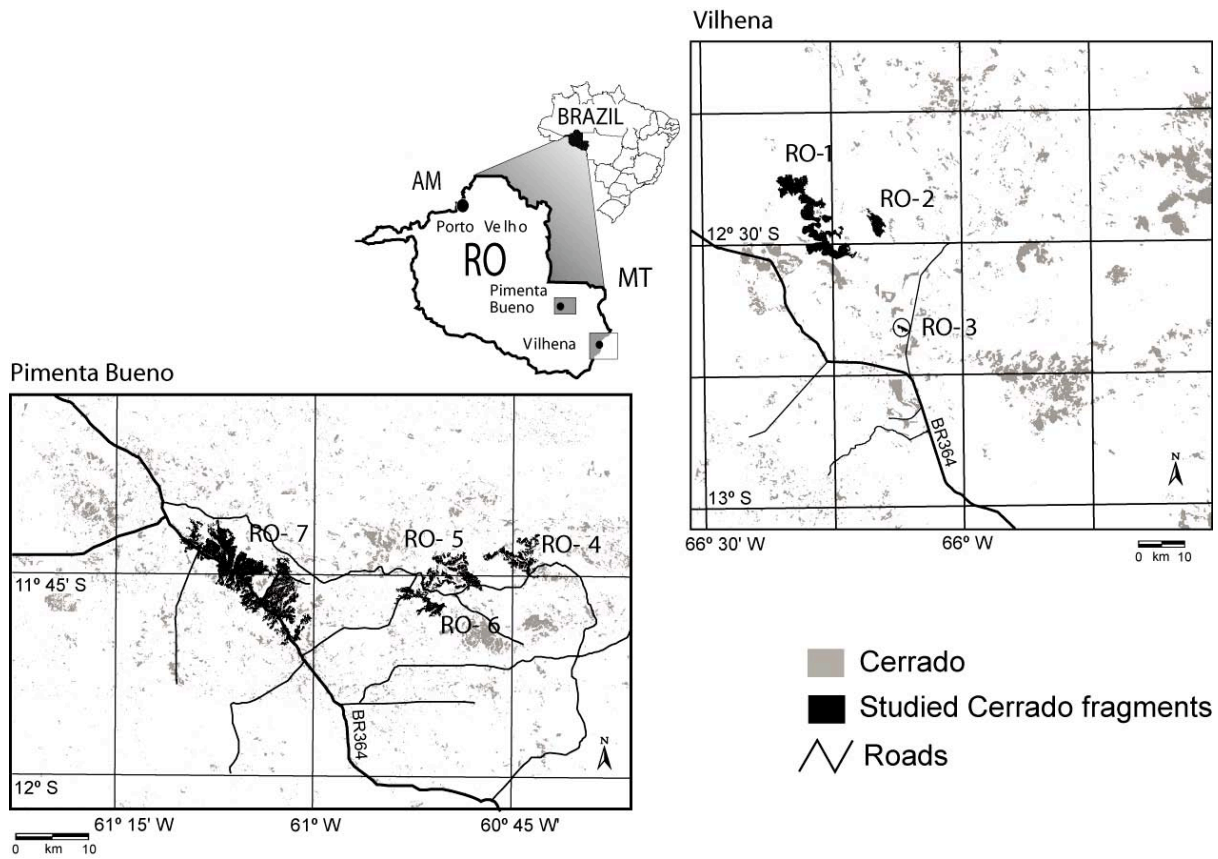
	Rondônia				Brasil Central			
	Todas	Dep.	Semid.	Indep.	Todas	Dep.	Semid.	Indep.
T	53,71°	47,15°	46,65°	35,56°	37,39°	13,14°	35,06°	44,45°
p	0,380	0,402	0,187	0,003	0,001	0,008	0,049	0,184
n	146	48	50	48	130	19	43	68
Idios.	-	-	-	18	46	9	15	-

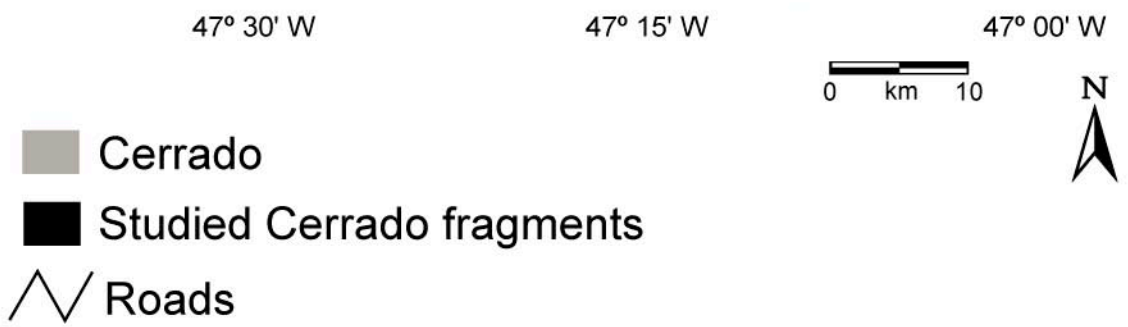
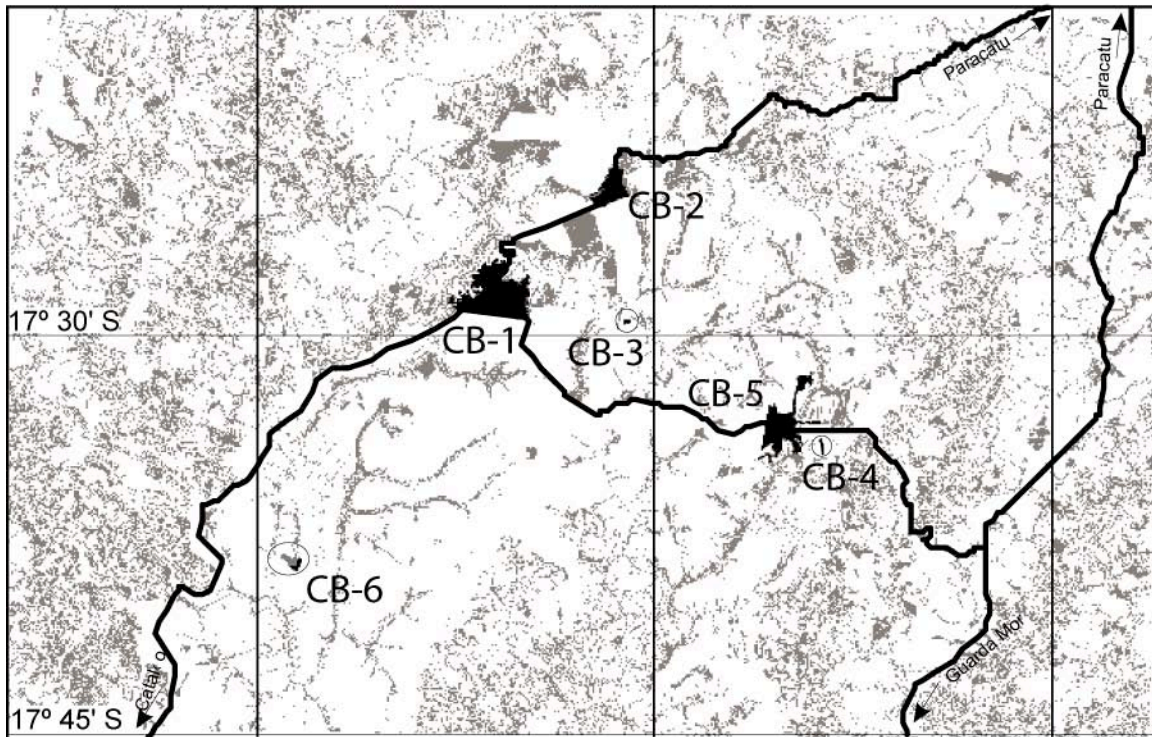
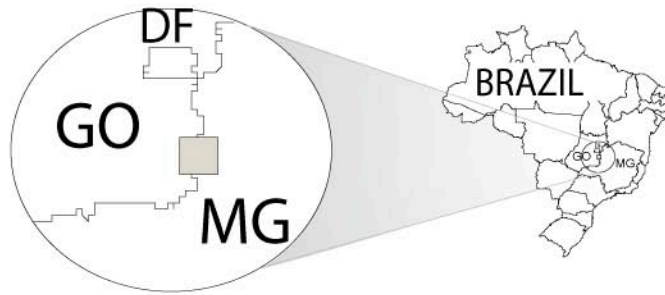
Legenda das Figuras

Figura 1. Localização dos fragmentos naturais de Cerrado no estado de Rondônia.

Figura 2. Localização dos fragmentos antrópicos de Cerrado no Brasil Central.

Figura 3. Matrizes indicando a distribuição das taxocenoses de aves do Cerrado em fragmentos naturais de Rondônia (A até D) e fragmentos antrópicos do Brasil Central (E até H). Em cada matriz, linhas representam fragmentos de Cerrado e colunas representam espécies de aves. Os totais das linhas indicam número de espécies por fragmento, excluídas as espécies comuns a todos os fragmentos, enquanto totais ads colunas indicam número de fragmentos habitados por uma determinada espécie. Matrizes são ordenadas de tal forma que os fragmentos com maior número de espécies ocupem a primeira linha de cima para baixo, e as espécies presentes em maior número de fragmentos ocupem sua coluna mais à esquerda, de modo a minimizar a temperatura da matriz. As curvas em cada matriz indicam o limite de extinção ou ocorrência (ver texto para detalhes). A, todas as espécies combinadas ($T=53,71^\circ$, $p = 0,380$); B, espécies dependentes de floresta ($T=47,15^\circ$, $p = 0,402$); C, espécies semi-dependentes de floresta ($T = 46,65^\circ$, $p = 0,187$); D, espécies independentes de floresta ($T = 35,56^\circ$, $p = 0,003$); E, todas as espécies combinadas ($T = 37,39^\circ$, $p = 0,001$); F, espécies dependente de floresta ($T = 13,14^\circ$, $p = 0,008$); G, espécies semi-dependentes de floresta ($T = 35,06^\circ$, $p = 0,049$); H, espécies independentes de floresta ($T = 44,45^\circ$, $p = 0,184$).





Anexo 1 – Distribuição das espécies em fragmentos naturais (RO1 a RO7) e antrópicos (CB1 a CB6) de Cerrado¹.

Táxon	RO1	RO2	RO3	RO4	RO5	RO6	RO7	CB1	CB2	CB3	CB4	CB5	CB6	FD ²	Se ³	Id ⁴
Tinamidae																
<i>Crypturellus soui</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Crypturellus undulatus</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	3	B	b,c
<i>Crypturellus parvirostris</i>	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	B	a
<i>Rhynchotus rufescens</i>	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	B	
<i>Nothura maculosa</i>	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	B	a
Ardeidae																
<i>Syrigma sibilatrix</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	M	b
Cathartidae																
<i>Cathartes aura</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	B	
<i>Coragyps atratus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	B	B
Accipitridae																
<i>Gampsonyx swainsonii</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	B	a
<i>Harpagus bidentatus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	

<i>Heterospizias meridionalis</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	B	b
<i>Rupornis magnirostris</i>	0	0	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	1	B	a
<i>Buteo albicaudatus</i>	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	B	
<i>Buteo nitidus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	M	b,d
Falconidae																
<i>Caracara plancus</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	B	
<i>Milvago chimachima</i>	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	1	1	1	1	B	b
<i>Herpetotheres cachinnans</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	2	B	b,d
<i>Falco sparverius</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	1	B	b
Rallidae																
<i>Micropygia schomburgkii</i>	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	A	
<i>Aramides cajanea</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	A	
<i>Laterallus viridis</i>	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	B	
Cariamidae																
<i>Cariama cristata</i>	1	1	1	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	M	b
Charadriidae																

<i>Vanellus chilensis</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	B
Columbidae															
<i>Columbina minuta</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	B
<i>Columbina talpacoti</i>	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1	0	1	1	B a,b
<i>Columbina squammata</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	B
<i>Patagioenas speciosa</i>	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	M
<i>Patagioenas picazuro</i>	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	2	M
<i>Patagioenas cayennensis</i>	1	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	3	M
<i>Patagioenas plumbea</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A
<i>Patagioenas subvinacea</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A
<i>Leptotila verreauxi</i>	1	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	2	B
<i>Leptotila rufaxilla</i>	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3	M
Psittacidae															
<i>Ara severus</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M
<i>Orthopsittaca manilata</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	M
<i>Diopsittaca nobilis</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	2	M

<i>Aratinga aurea</i>	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	M	b
<i>Salvatoria xanthops</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	M	b
<i>Pionus maximiliani</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	2	M	b,d
<i>Amazona aestiva</i>	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	3	M	c
<i>Amazona farinosa</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
Cuculidae																
<i>Piaya cayana</i>	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	2	B	
<i>Coccyua minuta</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	B	
<i>Crotophaga ani</i>	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	B	
<i>Guira guira</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	B	b
Strigidae																
<i>Megascops choliba</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	B	d
<i>Glaucidium brasilianum</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Athene cunicularia</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	M	
Caprimulgidae																
<i>Nyctidromus albicollis</i>	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	2	B	

<i>Caprimulgus parvulus</i>	0	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	B	a
Trochilidae																
<i>Glaucis hirsutus</i>	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Phaethornis nattereri</i>	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	M	
<i>Phaethornis ruber</i>	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Phaethornis pretrei</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	B	b
<i>Phaethornis malaris</i>	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	A	
<i>Eupetomena macroura</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	B	
<i>Florisuga mellivora</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Colibri serrirostris</i>	1	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	2	B	
<i>Anthracothorax nigricollis</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Chrysolampis mosquitus</i>	0	0	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	B	a,b
<i>Discosura langsdorffi</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Thalurania furcata</i>	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	M	
<i>Hylocharis cyanus</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Polytmus guainumbi</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	M	

<i>Polytmus theresiae</i>	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	M
<i>Amazilia chionogaster</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B
<i>Amazilia versicolor</i>	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B
<i>Amazilia fimbriata</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	2	B d
<i>Heliactin bilophus</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	M b
<i>Heliomaster squamosus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	M c
Galbulidae															
<i>Galbula ruficauda</i>	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	2	B
Bucconidae															
<i>Nystalus chacuru</i>	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	M
<i>Nystalus maculatus</i>	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	2	M b
<i>Chelidoptera tenebrosa</i>	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B
Ramphastidae															
<i>Ramphastos toco</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	2	M b,d
Picidae															
<i>Picumnus albosquamatus</i>	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	1	2	B

<i>Melanerpes candidus</i>	0	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	2	B
<i>Melanerpes cruentatus</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B
<i>Veniliornis affinis</i>	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3	M
<i>Colaptes campestris</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	B
<i>Dryocopus lineatus</i>	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	2	B
<i>Campephilus melanoleucos</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	3	M b,c
Melanopareiidae															
<i>Melanopareia torquata</i>	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	M b
Thamnophilidae															
<i>Taraba major</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	B
<i>Thamnophilus doliatus</i>	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	2	B
<i>Thamnophilus pelzelni</i>	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	3	B
<i>Thamnophilus caerulescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3	B b,c
<i>Thamnophilus torquatus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	M b
<i>Herpsilochmus longirostris</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	M
<i>Formicivora grisea</i>	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	B

<i>Formicivora rufa</i>	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	B	
<i>Pyriglena leuconota</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
Scleruridae																
<i>Geositta poeciloptera</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	M	b
Dendrocolaptidae																
<i>Glyphorhynchus spirurus</i>	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Dendrocolaptes picumnus</i>	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	A	
<i>Xiphorhynchus picus</i>	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Lepidocolaptes angustirostris</i>	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	0	1	M	b
Furnariidae																
<i>Furnarius rufus</i>	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	B	a
<i>Synallaxis frontalis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	3	B	b,c
<i>Synallaxis albescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	B	b
<i>Synallaxis hypospodia</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	2	M	b,d
<i>Phacellodomus rufifrons</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	2	M	
<i>Phacellodomus ruber</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	2	B	b

<i>Anumbius annumbi</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	M
<i>Xenops rutilans</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M
Tyrannidae																
<i>Mionectes macconnelli</i>	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A
<i>Leptopogon amaurocephalus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	M
<i>Hemitriccus striaticollis</i>	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	2	M b
<i>Hemitriccus margaritaceiventer</i>	1	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	2	M b
<i>Poecilotriccus latirostris</i>	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B
<i>Todirostrum cinereum</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	B d
<i>Tyrannulus elatus</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B
<i>Elaenia flavogaster</i>	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	2	B	
<i>Elaenia spectabilis</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Elaenia albiceps</i>	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	B	
<i>Elaenia parvirostris</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	B	
<i>Elaenia cristata</i>	1	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	M	
<i>Elaenia chiriquensis</i>	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	B	

<i>Camptostoma obsoletum</i>	1	1	0	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	B	a,b
<i>Suiriri suiriri</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	M	
<i>Phaeomyias murina</i>	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	B	
<i>Euscarthmus meloryphus</i>	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Sublegatus modestus</i>	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	2	M	
<i>Myiornis ecaudatus</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Tolmomyias sulphurescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	3	M	b,c
<i>Tolmomyias flaviventris</i>	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Platyrinchus mystaceus</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Myiophobus fasciatus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	B	
<i>Cnemotriccus fuscatus</i>	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	3	B	
<i>Pyrocephalus rubinus</i>	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	B	
<i>Xolmis cinereus</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	B	
<i>Xolmis velatus</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	M	b
<i>Legatus leucophaeus</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Myiozetetes cayanensis</i>	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B	

<i>Pitangus sulphuratus</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	1	B	a
<i>Philohydor lictor</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Myiodynastes maculatus</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Megarhynchus pitangua</i>	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	2	B	
<i>Empidonomus varius</i>	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Tyrannus albogularis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	B	b
<i>Tyrannus melancholicus</i>	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	B	a
<i>Tyrannus savana</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	0	1	B	b
<i>Casiornis rufus</i>	1	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	3	M	c
<i>Myiarchus swainsoni</i>	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	B	a
<i>Myiarchus ferox</i>	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	2	B	b,d
<i>Myiarchus tyrannulus</i>	0	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	2	B	
Pipridae																
<i>Neopelma pallescens</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Tyranneutes stolzmanni</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A	
<i>Chiroxiphia pareola</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A	

<i>Xenopipo atronitens</i>	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	M
<i>Pipra rubrocapilla</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A
Tityridae															
<i>Schiffornis turdina</i>	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	A
<i>Pachyramphus polychopterus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	2	B d
Vireonidae															
<i>Cyclarhis gujanensis</i>	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	2	B
<i>Vireo olivaceus</i>	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	3	B
Corvidae															
<i>Cyanocorax cristatellus</i>	1	1	1	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	M
<i>Cyanocorax chrysops</i>	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	2	B d
Troglodytidae															
<i>Troglodytes musculus</i>	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	B a,b
<i>Thryothorus genibarbis</i>	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	3	B
<i>Thryothorus leucotis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	B
Poliptilidae															

<i>Ramphocaenus melanurus</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Polioptila dumicola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	M	d
Turdidae																
<i>Turdus leucomelas</i>	1	0	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1	2	B	
<i>Turdus amaurochalinus</i>	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Turdus ignobilis</i>	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
Mimidae																
<i>Mimus saturninus</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	B	
Motacillidae																
<i>Anthus lutescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	B	
Coerebidae																
<i>Coereba flaveola</i>	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	2	B	
Thraupidae																
<i>Schistochlamys melanopsis</i>	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	B	
<i>Schistochlamys ruficapillus</i>	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	B	a
<i>Neothraupis fasciata</i>	1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	M	b

<i>Thlypopsis sordida</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	B	
<i>Cypsnagra hirundinacea</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	A	b
<i>Tachyphonus rufus</i>	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Tachyphonus phoenicius</i>	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	M	
<i>Ramphocelus carbo</i>	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Thraupis episcopus</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	B	
<i>Thraupis sayaca</i>	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	B	d
<i>Thraupis palmarum</i>	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	2	B	
<i>Tangara cayana</i>	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	M	a	
<i>Dacnis cayana</i>	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	B	d	
<i>Cyanerpes cyaneus</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B		
<i>Hemithraupis guira</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	3	B	c	
Emberizidae																	
<i>Zonotrichia capensis</i>	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	B	a
<i>Ammodramus humeralis</i>	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	B	
<i>Porphyrospiza caerulescens</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	M		

<i>Sicalis citrina</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	M	b
<i>Sicalis flaveola</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	B	b
<i>Emberizoides herbicola</i>	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	B	
<i>Volatinia jacarina</i>	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	B	a
<i>Sporophila plumbea</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	M	b
<i>Sporophila nigricollis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	B	
<i>Sporophila angolensis</i>	0	0	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	B	a
<i>Charitospiza eucosma</i>	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	A	
<i>Coryphospingus cucullatus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	2	B	b,d
Cardinalidae																
<i>Saltator grossus</i>	0	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	3	M	
<i>Saltator maximus</i>	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	3	B	
<i>Saltator atricollis</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	M	
Parulidae																
<i>Basileuterus culicivorus</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3	M	
<i>Basileuterus flaveolus</i>	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	3	M	

Icteridae

<i>Psarocolius decumanus</i>	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	M
<i>Icterus cayanensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	2	M
<i>Gnorimopsar chopi</i>	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	B
<i>Pseudoleistes guirahuro</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	1	B b
<i>Molothrus bonariensis</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	B b

Fringillidae

<i>Euphonia chlorotica</i>	1	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	2	B
----------------------------	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

¹Seqüência taxonômica de acordo com Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos (CBRO 2006).

²Dependência Florestal: 1 = Independente, 2 = Semi-dependente, 3 = Dependente.

³Sensibilidade a alterações de hábitat: A = alta, M = média, B = baixa.

⁴Idiosincrasias identificadas em análises de hierarquização estatisticamente significantes: a) somente para espécies independentes de floresta em fragmentos de Rondônia; b) para todas as espécies do Brasil Central; c) para espécies dependentes de floresta do Brasil Central; d) para espécies semi-dependentes do Brasil Central.

**Capítulo II – Estrutura de Taxocenoses de Aves em Fragmentos Naturais
e Antrópicos de Cerrado**

1. Introdução

O Cerrado é o segundo maior bioma da América do Sul, com a maioria de seus 1,8 a 2,0 milhões de km² (Machado et al. 2004) localizados no Brasil Central. Sua vegetação mostra extrema complexidade, com uma vasta gama de fitofisionomias que variam de formações campestres a florestas (para uma revisão das fitofisionomias de Cerrado, veja Ribeiro & Walter 1998), principalmente como resultado de variações edáficas e de relevo. A biodiversidade do Cerrado permanece pouco conhecida: mesmo para aves, um dos grupos biológicos mais bem conhecidos, Silva (1995a) concluiu que mais de 70% do bioma nunca foram adequadamente amostrados. Apesar disso, os dados disponíveis indicam que a biodiversidade do Cerrado é elevada, abrangendo mais de 10.000 espécies de plantas, 161 mamíferos, 837 aves, 120 répteis, e 150 anfíbios (Myers et al. 2000). Há também um elevado número de endemismos, que incluem 38% dos répteis (Colli et al. 2002), 44% das plantas em geral (Myers et al. 2000) e acima de 70% das espécies de plantas da família Velloziaceae habitando campos rupestres (Filgueiras 2002).

A despeito de sua riqueza biológica, o Cerrado sofreu uma massiva ocupação humana ao longo dos últimos 50 anos, e atualmente mais de dois terços de sua área original já se tornou convertida em pastagens e cultivos agrícolas, foi cortado e queimado para produção de carvão, plantado com *Eucalyptus spp* e *Pinnus spp* exóticos, ou foi alterado pela urbanização. Como resultado, apenas cerca de 34,2% de sua vasta área original permanecem inalterados (Machado et al. 2004) e suas paisagens são severamente fragmentadas. Este cenário fez com que o Cerrado fosse considerado um dos 34 *hotspots* terrestres mundiais (Mittermeier et al. 2004) e também uma das savanas tropicais mais ameaçadas do mundo (Silva & Bates 2002).

A fragmentação de habitats é usualmente definida como um processo que envolve tanto a perda como a quebra de continuidade de habitats (Fahrig 2003), tal como pode ser

observado com frequência no Cerrado. Combinados, estes fatores são frequentemente considerados as mais importantes ameaças à diversidade global (Laurance & Cochrane 2001). Trata-se também de um processo de paisagem que inclui uma ampla gama de padrões espaciais de ambientes, o qual pode ocorrer em muitas escalas espaciais. Mosaicos de paisagens nos quais os fragmentos encontram-se inseridos são sempre complexos, e a dinâmica intra-fragmentos é afetada por fatores externos que variam conforme a estrutura do mosaico muda (Wiens 1995). O processo de fragmentação resulta no acréscimo do número de manchas, tamanho reduzido de fragmentos e num maior isolamento entre estes (Fahrig 2003). Ainda, a fragmentação altera as características abióticas do ambiente, tais como radiação, vento e fluxos de água (Saunders et al. 1991), principalmente em suas bordas.

Todas estas mudanças ocasionam uma serie de conseqüências biológicas às populações e comunidades, tais como decréscimo nas taxas de colonização e aumento nas taxas de mortalidade e de degradação de hábitats, o que pode levar a um aumento nas taxas de extinção (Wilcox & Murphy 1985). Ademais, extinções em paisagens fragmentadas não são aleatórias, uma vez que as espécies respondem diferencialmente (de acordo com suas características biológicas) às novas condições, tais como quantidade de hábitat original remanescente, isolamento, heterogeneidade, proporção de borda versus interior nos fragmentos, bem como no mosaico que resulta da fragmentação (Wiens 1989). Um dos efeitos iniciais da fragmentação de hábitats sobre a biota é a eliminação de espécies raras, endêmicas e hábitat-especialistas (Gentry 1986). Outra conseqüência é a invasão dos fragmentos por espécies exóticas oportunistas (e.g., moscas drosofilídeas exóticas à região Neotropical em pequenos fragmentos de Cerrado, Brant 2003), o que pode levar espécies nativas à extinção local.

Por outro lado, diferenças entre taxocenoses em paisagens fragmentadas podem, de fato, ser uma consequência de outras características biológicas responsáveis por sua estruturação, tais como a vegetação (e.g., Mac Nally et al. 2000), e não uma consequência da fragmentação de habitats *per se*. Portanto, estudos de fragmentação deveriam investigar também hipóteses alternativas para diferenças observadas na estrutura de taxocenoses presentes em paisagens fragmentadas.

O presente trabalho investigou a estrutura de taxocenoses de aves em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado, em busca de padrões de associação entre abundâncias de espécies e variáveis ambientais.

2. Métodos

2.1. Áreas de estudo

Foram amostradas taxocenoses de aves em um total de 13 fragmentos de Cerrado em duas regiões geográficas brasileiras distintas (Figs. 1-2, Tabela 1). Sete destas pertencem aos municípios de Vilhena (fragmentos RO-1 to RO-3) e Pimenta Bueno (fragmentos RO-4 a RO-7; Fig. 1, Tabela 1), localizados no sudeste do estado de Rondônia. Esta região localiza-se na zona de transição entre o Cerrado e a Amazônia, representando o limite noroeste do bioma Cerrado no Brasil. As médias mensais de temperaturas nesta região variam 19 a 31° C, e a pluviosidade média anual é em torno de 2.000 mm. Há uma estação de seca e chuva distintas, sendo o trimestre mais seco de junho a agosto e o mais chuvoso de dezembro a fevereiro (SUDAM 1984). De acordo com evidências sedimentológicas obtidas próximo à divisa dos estados de Rondônia e Amazonas, o Cerrado se expandiu naquela região durante um período de clima seco que ocorreu entre 9.000 e 3.000 anos atrás. Após este período mais seco o clima tornou-se úmido e a Floresta Amazônica se expandiu uma vez mais, originando os fragmentos de

Cerrado ainda presentes naquela região (Freitas et al. 2001). Portanto, as áreas de Cerrado em Rondônia permaneceram isoladas por pelo menos 3.000 anos. Estes fragmentos estão inseridos em uma complexa matriz de pastagens e floresta pluvial úmida, a qual em geral já foi explorada para produção de madeira. Para uma descrição mais detalhada dos sítios estudados, veja Gainsbury e Colli (2003).

Os outros seis fragmentos incluídos neste estudo estão localizados no Brasil Central, área nuclear Cerrado, próximo à divisa entre os estados de Minas Gerais e Goiás (Fragmentos CB-1 a CB-6, Fig. 2, Tabela 1). As médias mensais de temperaturas nesta região variam de 17 a 29° C, e a pluviosidade média anual é em torno de 1.600 mm. Há uma estação seca e outra chuvosa bem marcadas, sendo o semestre mais seco de junho a agosto e o mais chuvoso de novembro a janeiro (INMET 2005). De acordo com os proprietários das áreas, os fragmentos estudados tornaram-se isolados entre 20-30 anos atrás, como resultado da conversão em larga escala das paisagens em cultivos agrícolas, principalmente de soja e sorgo. Este cenário é representativo da recente história de ocupação da região nuclear do bioma Cerrado.

2.2. Variáveis ambientais

Foram incluídas na análise 18 variáveis ambientais (Tabela 2), a saber: (1) Rondônia e (2) C_Brazil, que denotam as regiões geográficas nas quais os fragmentos estão localizados; (3) Physiognomies, o número total de fitofisionomias em cada fragmento; (4) Relat_Physiog, o número de fitofisionomias no fragmento dividido pelo número total de fitofisionomias; (5) Physiognomy_H', a diversidade de fitofisionomias no fragmento, calculada pelo método de Shannon, i.e., $H' = -\sum_{i=1}^n p_i \ln p_i$, onde p_i se refere à proporção da fitofisionomia i relative ao número total de fitofisionomias; (6) Patches, o número de manchas de vegetação; (7) Buffer_patches, número de manchas em um *buffer*

de 250 m ao redor dos fragmentos; (8) Patch_density, o número de manchas de vegetação no fragmento dividido por sua área; (9) Area, a área total do fragmento em km²; (10) Perimeter, o perímetro total do fragmento em km; (11) Edge, o total de bordas do fragmento; (12) Campo, a área total de campo no fragmento; (13) Cerrado, a área total de cerrado *sensu stricto* no fragmento; (14) Forest, o total de florestas úmidas e matas de galeria no fragmento; (15) Deciduous_For, o total de florestas decíduas no fragmento; (16) Anthropogenic, a área antrópica total no fragmento, a qual inclui pastagens, cultivos agrícolas e solos expostos; (17) Trees, que denota o número de espécies de árvores com DAP > 5cm em um transecto de 300 m, usando o método *Point Centered Quarter* (PCQ), e (18) Shrubs, que se refere à densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência/200 m². Os valores obtidos para as variáveis 3 a 16 resultaram da interpretação de imagens de satélite, tendo sido calculados pelo grupo de pesquisa do Dr. Heinrich Hasenack (Universidade Federal do Rio Grande do Sul - FURG), enquanto as variáveis ambientais 17 e 18 referem-se a dados obtidos em campo pela Dra. Tânia Sanaïotti (Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA).

2.3. Registros da avifauna

Os dados sobre a avifauna foram obtidos por meio de censos visuais e auditivos, a coleta de espécimes testemunho utilizando redes ornitológicas (*mist nets*) e uma arma de fogo, e ainda observações com um binóculo Zeiss 8 x 30. Como padrão para os censos, estes foram conduzidos em períodos de 10 minutos de duração, a uma distância mínima de 200 m entre cada ponto e durante três dias consecutivos em cada fragmento a cada expedição, desde o amanhecer até por volta de 10:30 hs (julho e dezembro de 2000 em Rondônia; novembro de 2001 no Brasil Central; número de pontos realizados em cada área na Tabela 1). As vocalizações das aves foram gravadas utilizando-se um gravador Sony

TCD5 PROII e um microfone direcional Sennheiser ME66, sendo posteriormente digitalizadas à frequência de 44.100 Hz. Algumas dúvidas de identificações foram solucionadas com a ajuda dos colegas ornitólogos Dante Buzzetti e Rômulo Ribon.

Além dos censos, foram coletados 227 e 155 espécimes testemunho nos fragmentos de Rondônia e do Brasil Central, respectivamente (permissões de coleta do IBAMA números 053/2002-CGFAU/LIC e 183/2001-DIFAS/DIREC). Para tanto, foram utilizadas 20 redes ornitológicas de 12 m de comprimento x 2.5 m de altura e 36 mm de malha, abertas simultaneamente desde o amanhecer até por volta de 10:30 hs da manhã, durante três dias consecutivos em cada fragmento. Desta forma, o esforço de capturas com redes totalizou aproximadamente 270 horas-rede por fragmento. Exceções foram o fragmento RO-3, onde não foram utilizadas redes pelo fato deste já ter sido convertido em uma plantação de soja quando da expedição de coleta, e a área CB-2, a qual foi amostrada com redes por apenas 180 horas-rede devido às pesadas chuvas durante o último dia da coleta de dados (Tabela 1). A arma de fogo foi utilizada principalmente de maneira complementar, isto é, na captura de aves que usualmente não caem em redes ornitológicas. As coletas com redes e arma de fogo ocorreram em novembro de 2001 no Brasil Central e em maio de 2002 nas áreas de Rondônia. Os espécimes estão depositados na coleção ornitológica da Universidade de Brasília. Foram excluídas da análise todas as espécies consideradas migrantes por Silva (1995b) e CBRO (2006), bem como quaisquer aves observadas ou ouvidas apenas sobrevoando as áreas de estudo.

2.4. Análises

Foi realizada uma Análise Discriminante (Discriminant Function Analysis) utilizando o software CANOCO versão 4.5 (Ter Braak & Smilauer 2002), para identificar variáveis ambientais que melhor explicavam as diferenças entre os fragmentos naturais e

antrópicos. Nessa análise, “Rondônia” e “C_Brazil” figuraram como variáveis dependentes, enquanto todas as outras variáveis ambientais figuraram como independentes.

Para investigar a associação entre as abundâncias das espécies e os parâmetros ambientais foram realizadas Análises de Correspondência Canônica (Canonical Correspondence Analyses – CCA Ter Braak 1986), um método que promove a ordenação de um conjunto de variáveis dependentes (abundâncias de espécies no presente estudo) a fim de maximizar sua associação com um segundo conjunto de variáveis (independentes, variáveis ambientais). Essas análises também foram efetuadas utilizando-se o software CANOCO versão 4.5 (Ter Braak & Smilauer 2002), configurado com os seguintes parâmetros: escala simétrica (symmetric scaling), escala biplot (biplot scaling), redução do peso (downweighting) de espécies raras, transformação log e seleção manual de variáveis ambientais. Para testar a hipótese que as relações entre abundâncias de espécies e variáveis ambientais eram significativamente diferentes daquelas obtidas ao acaso, foi realizado um teste de Monte Carlo com 9.999 permutações irrestritas.

Uma vez que os efeitos da fragmentação de habitats sobre as espécies variam em função das características biológicas destas (tais como preferência de habitats), todas as espécies de aves foram classificadas em três subgrupos, de acordo com sua dependência de habitats florestais. Para tanto, foram utilizadas as categorias propostas por Silva (1995b), a saber: 1) independentes, espécies associadas a fitofisionomias abertas (veredas, campo limpo, campo sujo, campo cerrado, cerrado *sensu stricto* e campos rupestres), 2) semi-dependentes, espécies que ocorrem tanto em fitofisionomias abertas quanto em florestas, incluindo campinas de areia branca, e 3) dependentes, espécies que ocorrem principalmente em fitofisionomias florestais do bioma Cerrado (cerradão, florestas secas e matas de galeria). Análises de Correspondência Canônica individuais foram realizadas para cada um destes três grupos, a fim de se investigar uma associação particular das espécies

que os compõem a variáveis ambientais nos fragmentos. As abundâncias de espécies foram padronizadas dividindo-se o número total de indivíduos observados ou capturados pelo esforço amostral (em horas de capturas somadas ao total de horas de observação) empregado em cada fragmento.

3. Resultados

3.1. Diferenças entre fragmentos de Cerrado naturais (Rondônia) e antrópicos (Brasil Central)

A Análise Discriminante resultou em uma perfeita separação entre os fragmentos de Cerrado de Rondônia e do Brasil Central (Fig. 3). Tomadas individualmente, metade das 16 variáveis ambientais foram efetivas em discriminar entre Rondônia e o Brasil Central (Tabela 3). Contudo, devido a intercorrelações entre as variáveis, apenas cinco variáveis ambientais proporcionaram contribuições únicas e significantes ao modelo discriminante. A maior parte da variação no modelo deveu-se à riqueza de fitofisionomias (78,6% da variação total, $F = 40,414$, $p = 0,0015$), seguindo-se a densidade de manchas (16,4%, $F = 32,791$, $p = 0,0002$), área florestada nos fragmentos (3,2%, $F = 16,263$, $p = 0,0046$), densidade de arbustos (0,8%, $F = 6,420$, $p = 0,0344$) e índice de Shannon para os fragmentos (0,5%, $F = 7,344$, $p = 0,0384$). Fragmentos naturais em Rondônia apresentaram valores mais elevados de densidades de manchas e arbustos, enquanto os fragmentos do Brasil Central apresentaram valores mais altos de riqueza de fitofisionomias, área florestada nos fragmentos e índice de Shannon para a paisagem (Fig. 3).

3.2. Composição de espécies

Considerando todos os fragmentos de Cerrado simultaneamente foram registradas 206 espécies de aves no total, pertencentes a 40 famílias (Anexo 1), o que representa aproximadamente 25% da avifauna do Cerrado (Silva 1995b). Setenta e seis espécies foram encontradas exclusivamente em fragmentos naturais de Rondônia, 60 apenas em fragmentos antrópicos do Brasil Central e outras 70 foram compartilhadas por ambas as regiões. Em relação à preferência de habitats, 80 espécies são independentes, 67 semidependentes e 59 dependentes de floresta. Em Rondônia a maioria (50, 34,2%) das espécies são semidependentes de floresta, seguindo-se números iguais de espécies independentes e dependentes de floresta (48, 32,9%) (Anexo 1, Tabela 4). A área RO-1 apresentou a mais rica taxocenose de aves dentre os fragmentos de Rondônia, com 72 espécies, a maioria das quais independentes de floresta. Esta categoria também foi a dominante nos fragmentos RO-7 e RO-3 (Tabela 4).

Foram registradas 130 espécies de aves nos fragmentos antrópicos do Brasil Central (Anexo 1, Tabela 5). A maioria (68, 52,3%) são espécies independentes de floresta, seguindo-se espécies semidependentes (43, 33,1%) e dependentes de floresta (19, 14,6%; Tabela 5). O fragmento CB-6 apresentou a taxocenose mais rica, com 77 espécies, a maioria das quais independentes de floresta, representando 61,8% de todas as espécies independentes de floresta encontradas nos fragmentos do Brasil Central. Esta categoria foi a dominante também nos demais fragmentos, e dois destes (CB-1 e CB-6) também apresentaram acima de 50,0% de todas as espécies presentes nos fragmentos do Brasil Central.

3.3. Fatores determinantes da estrutura das taxocenoses de aves

As Análises de Correspondência Canônica indicaram uma associação significativa entre a abundância de aves e variáveis ambientais para as três categorias de dependência florestal, considerando-se todos os fragmentos de Cerrado simultaneamente (Primeiro eixo canônico $F = 3,402$, $p = 0,0001$ para independentes de floresta, $F = 3,325$, $p = 0,0001$ para espécies semidependentes de floresta e $F = 2,447$, $p = 0,0005$ para espécies dependentes de floresta). Contudo, as variáveis ambientais associadas com as abundâncias das aves variaram entre estes três grupos. Para espécies independentes de floresta, tomando-se as variáveis ambientais individualmente, os padrões de abundância foram melhor explicados pelo número de espécies de árvores > 5 cm DAP, densidade de manchas, região geográfica, riqueza de fitofisionomias, borda, número de manchas em um *buffer* de 250 m, índice de Shannon para a paisagem, área de floresta decídua e perímetro dos fragmentos (Tabela 6). Contudo, ao selecionar manualmente as variáveis que entrariam no modelo de correspondência canônica, apenas o número de espécies de árvores > 5 cm DAP (25,1% da variação total, $F = 3,697$, $p = 0,0001$) e a região geográfica (11,4%, $F = 1,795$, $p = 0,0103$) estiveram significativamente relacionadas aos padrões de abundância das espécies independentes de floresta. Muitas espécies independentes de floresta nos fragmentos do do Brasil Central apresentaram algum grau de associação com o número de espécies de árvores > 5 cm DAP, tais como *Porphyrospiza caerulescens*, *Salvatoria xanthops*, *Sicalis citrina*, *Xolmis velatus*, *X. cinereus*, *Saltator atricollis*, e *Suiriri suiriri* (Fig. 4). De maneira oposta, outras espécies ou estiveram ausentes de fragmentos do Brasil Central, tais como *Polythmus theresiae*, *Formicivora rufa*, *Gampsonyx swainsoni*, ou ocorreram em pequeno número, tais como *Caprimulgus parvulus* e *Schistochlamys melanopis*, devido à influência de outras variáveis correlacionadas com a região geográfica (Fig. 4).

A abundância de espécies semidependentes de floresta esteve associada com a região geográfica, riqueza de fitofisionomias, número de espécies de árvores > 5 cm DAP, número de manchas, borda, perímetro e número de manchas em um *buffer* de 250 m, tomadas individualmente (Tabela 7). Contudo, após a inclusão da região geográfica (23,2% da variação total, $F = 3,325$, $p = 0,0001$), nenhuma outra variável ambiental melhorou significativamente o modelo. Esta análise separou espécies restritas a uma das regiões geográficas estudadas, tais como *Amazilia chionogaster*, *Xenopipo atronitens*, *Tachyphonus phoenicius* e *Thraupis episcopus* em Rondônia, e *Pionus maximiliani*, *Phaethornis pretrei*, *Phacellodomus ruber*, *P. rufifrons* no Brasil Central (Fig. 5).

Por fim, a abundância de espécies dependentes de floresta esteve associada com região geográfica, número de espécies de árvores > 5 cm DAP, riqueza de fitofisionomias e densidade de manchas, tomadas individualmente (Tabela 8). Contudo, após a seleção da variável região geográfica (19,7% da variação total, $F = 2,691$, $p = 0,0002$), apenas densidade de arbustos (12,3% da variação total, $F = 1,813$, $p = 0,0406$) contribuiu significativamente para melhoria do modelo. Algumas espécies dependentes de floresta dos fragmentos de Rondônia apresentaram forte associação com a densidade de arbustos, tais como *Amazona farinosa*, *Crypturellus soui*, *Ramphocaenus melanurus*, *Saltator maximus* e *Cyanerpes cyaneus* (Fig. 6).

4. Discussão

4.1. Diferenças entre fragmentos naturais (Rondônia) e antrópicos (Brasil Central) de Cerrado

Embora o número de fitofisionomias de Cerrado varie entre os muitos autores que se dedicaram a produzir uma classificação (e.g., Eiten 1972; Ribeiro & Walter 1998;

Oliveira-Filho & Ratter 2002), há consenso em que o Cerrado é notoriamente diverso em termos de suas fitofisionomias. Os fatores determinantes da distribuição das fitofisionomias do Cerrado são também controversos, mas em geral a sazonalidade do clima, drenagem e fertilidade do solo, regime de fogo e flutuações climáticas do Quaternário são consideradas importantes (Eiten 1972; Furley & Ratter 1988; Oliveira-Filho & Ratter 1995, 2002). Em Rondônia, o número de fitofisionomias nos fragmentos variou de um até um máximo de seis. Por outro lado, mesmo o menor dos fragmentos do Brasil Central (BC-6, de apenas 33,3 ha) apresentou oito fitofisionomias. Como consequência, este parâmetro foi de longe o mais importante, explicando acima de 78% da variação total nas características ambientais na comparação entre fragmentos de Cerrado do Brasil Central e de Rondônia. Assim sendo, as profundas diferenças entre estas duas regiões no que diz respeito ao número de fitofisionomias pode dever-se a fatores históricos (longo tempo de isolamento em decorrência de flutuações climáticas) ou a outros fatores considerados acima. É provável que os tipos de solo, muito mais homogêneos em Rondônia (onde solos arenosos predominaram) que no Brasil Central (observação pessoal), exerçam um papel importante nessas diferenças regionais. A outra variável importante na separação destas duas regiões foi a densidade de manchas, a qual contribuiu para um adicional de 16,4% da variação total. Em outras palavras, os fragmentos de Cerrado de Rondônia são muito menos diversos em termos de fitofisionomias que no Brasil Central, bem como muito mais fragmentados internamente. Assim, além do tempo decorrido desde o isolamento, é provável que estas duas variáveis desempenharam um papel importante na origem das diferenças entre as taxocenoses de aves destas duas regiões.

4.2. Composição de espécies

Estudos semelhantes enfocando exclusivamente fitofisionomias abertas de Cerrado no Brasil Central reportaram riquezas totais de espécies de aves equivalentes às aquelas encontradas pelo presente estudo em fragmentos de Rondônia e do Brasil Central (e.g., 83 e 110, respectivamente, in Tubelis & Cavalcanti 2000, 2001). Por outro lado, estudos na área nuclear do Cerrado que abrangeram também fitofisionomias mais densas têm freqüentemente reportado números mais elevados de espécies (e.g., 233 e 231, respectivamente, in Silva & Oniki 1988; Machado et al. 2004), o que reforça a associação desta variável com a riqueza de aves.

Um aspecto notável da comparação entre fragmentos de Rondônia e do Brasil Central é seu elevado nível de exclusividade, uma vez que apenas um terço das espécies de aves foram comuns às duas regiões. Isto pode refletir aspectos ecológicos, históricos ou mesmo ambos. Como indicado no Capítulo I, a transição Cerrado-Amazônia influencia profundamente a composição das taxocenoses de aves em Rondônia, o que pode ser ilustrado pela presença de nove espécies não atribuídas ao bioma por Silva (1995b). A influência da Amazônia nos fragmentos de Rondônia torna-se evidente também pelo elevado número de espécies dependentes de florestas em comparação aos fragmentos do Brasil Central, enquanto o inverso é válido para as espécies de aves independentes de floresta.

Diferenças entre as estruturas de taxocenoses de aves de Rondônia e do Brasil Central podem também ser atribuídas à distribuição geográfica das espécies, considerando-se a relação de decréscimo nas abundâncias das espécies que ocorre desde o centro da distribuição para todos os seus limites geográficos (Brown 1984). Mesmo espécies comuns no Brasil Central estiveram ausentes nos fragmentos de Rondônia, como é o caso para *Eupetomena macroura*, *Ramphastos toco*, *Saltator atricollis*, *Phacellodomus ruber*, *P.*

Rufifrons e *Molothrus bonariensis*. Outras espécies foram encontradas em baixas abundâncias e apenas no município de Vilhena, cuja localização é mais próxima de áreas contínuas de Cerrado no Mato Grosso. Este é o caso de *Furnarius rufus* e *Charitospiza eucosma*, encontrados previamente (bem como *E. macroura*, *R. toco* e *S. atricollis*) em áreas de Cerrado do Mato Grosso, cerca de 350 km ao sul de Vilhena (Silveira & D'Horta 2002). Contudo, outros estudos são necessários para investigar se a divisa entre os estados de Rondônia e Mato Grosso corresponde, de fato, ao limite de distribuição geográfica destas e de outras espécies de aves do Cerrado.

4.3. Fatores determinantes da estrutura de taxocenoses de aves

Dunning et al. (1992) indicaram a composição de tipos de habitats e o arranjo fisionômico e espacial destes como as características principais para se descrever qualquer paisagem, uma vez que afetam quatro processos ecológicos básicos que podem influenciar dinâmicas populacionais ou a estrutura de comunidades. Estes processos são a) complementação de paisagens, quando indivíduos deslocam-se entre manchas na paisagem para fazer uso de recursos insubstituíveis; b) suplementação de paisagens, quando indivíduos se deslocam entre manchas em busca de recursos substituíveis; c) dinâmicas fonte-sumidouro (source-sink dynamics), quando manchas produtivas agem como fontes de emigrantes para populações de manchas menos produtivas (sumidouros), as quais se tornariam extintas sem esta imigração, e d) efeitos de vizinhança, i.e., as abundâncias das espécies são mais afetadas por características de manchas contíguas do que por aquelas de manchas mais distantes (Dunning et al. 1992).

Em todas as Análises de Correspondência Canônica realizadas no presente estudo, a região geográfica emergiu como um dos principais fatores que explicam variações nas abundâncias das espécies. A análise discriminante revelou que, de fato, fragmentos de

Cerrado de Rondônia e do Brasil Central são muito diferentes ambientalmente, principalmente em termos do número de fitofisionomias e da fragmentação interna (densidade de manchas), que combinadas explicaram 94% da variação total entre regiões. Portanto, a estrutura de taxocenoses de aves de fragmentos do Cerrado é, em geral, grandemente determinada por estes dois fatores, internos aos fragmentos.

Em um bioma altamente complexo como o Cerrado, onde muitas fitofisionomias ocorrem em áreas relativamente pequenas, pode-se pensar nos processos mencionados por Dunning et al. (1992) para “paisagens” como ocorrendo em uma escala muito menor, aquela de fragmentos, principalmente quando considerados os processos a, b e d descritos acima. Corroborando esta evidência, Tubelis et al. (2004) encontraram que em matas de galeria localizadas no Brasil Central, a suplementação de paisagens para aves de matas de galeria é mais alta em locais onde a vegetação adjacente é densa.

Além do número de fitofisionomias e densidade de manchas, outras variáveis são importantes para grupos de espécies de acordo com sua preferência de habitats. Aves independentes de floresta estiveram fortemente associadas à riqueza de espécies de árvores nos fragmentos, enquanto aves dependentes de floresta apresentaram forte associação com a densidade de arbustos. Isto reforça o conceito de que a abundância de espécies de aves está fortemente associada a características florísticas e estruturais dos habitats (e.g., Rotenberry & Wiens 1980), o que já havia sido relatado também para aves do Cerrado (e.g., Tubelis 1997).

5. Conclusões e recomendações

- Fragmentos de Cerrado localizados em Rondônia e no Brasil Central apresentam elevado nível de exclusividade (apenas 1/3 de sobreposição entre as avifaunas destes dois blocos amostrais), o que indica que o estabelecimento de Unidades de Conservação

somente na área nuclear do Cerrado não irá garantir a conservação da avifauna presente nos remanescentes deste bioma em Rondônia. Considerando-se a forte pressão de desmatamentos para plantio de soja existente naquela região (vide Capítulo I), torna-se ainda mais urgente a criação de unidades de conservação específicas para os remanescentes de Cerrado do estado de Rondônia;

- Em Rondônia os fragmentos de Cerrado apresentam poucas fitofisionomias e elevado nível de fragmentação interna, quando comparados a fragmentos de Cerrado localizados no Brasil Central. Isso reforça a necessidade de criação de Unidades de Conservação relativamente grandes em Rondônia, da ordem de milhares de ha, de modo a abranger um maior número de fitofisionomias;

- Além de enfocar aspectos da riqueza e composição de espécies, estudos que investiguem os efeitos da fragmentação sobre taxocenoses de grupos animais devem, necessariamente, investigar relações entre a estrutura das taxocenoses e variáveis ambientais dos fragmentos, sob pena de obtenção de resultados enviesados;

- Em um bioma altamente complexo como o Cerrado, onde muitas fitofisionomias ocorrem em áreas relativamente pequenas, sobretudo em sua região nuclear, processos ecológicos básicos que podem influenciar dinâmicas populacionais ou a estrutura de comunidades (complementação e suplementação de paisagens, dinâmicas fonte-sumidouro, efeitos de vizinhança) podem estar ocorrendo em uma escala geográfica muito menor do que em outros biomas menos complexos. Assim sendo, Unidades de Conservação devem ser planejadas para abranger o maior número de fitofisionomias possíveis, de modo a manter a complexidade estrutural da paisagem e os processos ecológicos mencionados acima. No Brasil Central, mesmo unidades de conservação relativamente pequenas (da ordem de centenas de ha) mas que abranjam muitas fitofisionomias podem ser importantes para a conservação da avifauna.

6. Referências bibliográficas

- Brant, A. 2003. Efeitos da fragmentação do Cerrado sobre a diversidade de Drosophilidae (Insecta, Diptera). Page 52. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Brown, J. H. 1984. On the relationship between abundance and distribution of species. *American Naturalist* **124**:255-279.
- CBRO. 2006. Lista Primária das Aves do Brasil. Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Available from <http://www.cbro.org.br> (accessed 14/03/2006).
- Colli, G. R., R. P. Bastos, and A. F. B. Araújo. 2002. The character and dynamics of the Cerrado Herpetofauna. Pages 223-241 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova Yorque.
- Dunning, J. B., B. J. Danielson, and H. R. Pulliam. 1992. Ecological processes that affect populations in complex landscapes. *Oikos* **65**:169-175.
- Eiten, G. 1972. The Cerrado vegetation of Brazil. *Botanical Review* **38**:201-341.
- Fahrig, L. 2003. Effects of habitat fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* **34**:487-515.
- Filgueiras, T. S. 2002. Herbaceous plant communities. Pages 122-139 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova Yorque.
- Freitas, H. A., L. C. R. Pessenda, R. Aravena, S. E. M. Gouveia, A. S. Ribeiro, and R. Boulet. 2001. Late quaternary vegetation dynamics in the southern Amazon basin inferred from carbon isotopes in soil organic matter. *Quaternary Research* **55**:39-46.

- Furley, P. A., and J. A. Ratter. 1988. Soil resources and plant communities of the Central Brazilian cerrado and their development. *Journal of Biogeography* **15**:97-108.
- 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.
- Gentry, A. H. 1986. Endemism in tropical versus temperate plant communities. Pages 153-181 in M. E. Soulé, editor. *Conservation Biology: The Science of Scarcity and Diversity*. Sinauer Associates, Sunderland, Massachusetts.
- INMET. 2005. Climatologia. Instituto Nacional de Meteorologia. Available from <http://www.inmet.gov.br/> (accessed 29/10/2005).
- Laurance, W. F., and M. A. Cochrane. 2001. Synergistic effects in fragmented landscapes. *Conservation Biology* **15**:1488-1489.
- Mac Nally, R., A. F. Bennett, and G. Horrocks. 2000. Forecasting the impacts of habitat fragmentation: Evaluation of species-specific predictions of the impact of habitat fragmentation on birds in the box-ironbark forests of central Victoria, Australia. *Biological Conservation* **95**:7-29.
- Machado, R. B., M. B. Ramos Neto, P. G. P. Pereira, E. F. Caldas, D. A. Gonçalves, N. S. Santos, K. Tabor, and M. Steininger. 2004. Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro. *Conservação Internacional*, Brasília, DF.
- Mittermeier, R. A., P. R. Gil, M. Hoffmann, J. Pilgrim, T. Brooks, C. G. Mittermeier, J. Lamoreux, and G. A. B. Fonseca 2004. Hotspots Revisited. CEMEX.
- Myers, N., R. A. Mittermeier, C. G. Mittermeier, G. A. B. Fonseca, and J. Kent. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* **403**:853-858.

- Oliveira-Filho, A. T., and J. A. Ratter. 1995. A study of the origin of central Brazilian forests by the analysis of plant species distribution patterns. *Edinburg Journal of Botany* **52**:141-194.
- Oliveira-Filho, A. T., and J. A. Ratter. 2002. Vegetation physiognomies and woody flora of the Cerrado Biome. Pages 91-120 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, New York.
- Ribeiro, J. F., and B. M. T. Walter. 1998. Fitofisionomias do bioma Cerrado. Pages 87-166 in S. M. Sano, and S. P. Almeida, editors. *Cerrado: ambiente e flora*. EMBRAPA-CPAC, Planaltina.
- Rotenberry, J. T., and J. A. Wiens. 1980. Habitat structure, patchiness, and avian communities in North American steppe vegetation: A multivariate analysis. *Ecology* **61**:1228-1250.
- Saunders, D. A., R. J. Hobbs, and C. R. Margules. 1991. Biological consequences of ecosystem fragmentation: A review. *Conservation Biology* **5**:18-32.
- Silva, J. M. C. 1995a. Avian inventory of the Cerrado Region, South America: Implications for biological conservation. *Bird Conservation International* **5**:291-304.
- Silva, J. M. C. 1995b. Birds of the Cerrado Region, South America. *Steenstrupia* **21**:69-92.
- Silva, J. M. C., and J. M. Bates. 2002. Biogeographic patterns and conservation in the South American Cerrado: A tropical savanna hotspot. *BioScience* **52**:225-233.
- Silva, J. M. C., and Y. Oniki. 1988. Lista preliminar da avifauna da Estação Ecológica Serra das Araras, Mato Grosso, Brasil. *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi, nova série, Zoologia* **4**:123-144.

- Silveira, L. F., and L. F. M. D'Horta. 2002. A avifauna da região de Vila Bela da Santíssima Trindade, Mato Grosso. *Papéis Avulsos de Zoologia* **42**:265-286.
- SUDAM 1984. Atlas Climatológico da Amazônia Brasileira, Belém, PA.
- Ter Braak, C. J. F. 1986. Canonical Correspondence Analysis: A new eigenvector technique for multivariate direct gradient analysis. *Ecology* **67**:1167-1179.
- Ter Braak, C. J. F., and P. Smilauer 2002. CANOCO Reference Manual and CanoDraw for Windows User's Guide: Software for Canonical Community Ordination (version 4.5), Ithaca, NY.
- Tubelis, D. P. 1997. Estrutura de comunidades de aves em habitats preservados e alterados de Cerrado, na região do Distrito Federal. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Tubelis, D. P., and R. B. Cavalcanti. 2000. A comparison of bird communities in natural and disturbed non-wetland open habitats in the Cerrado's central region, Brazil. *Bird Conservation International* **10**:331-350.
- Tubelis, D. P., and R. B. Cavalcanti. 2001. Community similarity and abundance of bird species in open habitats of a central Brazilian cerrado. *Ornitología Neotropical* **12**:57-73.
- Tubelis, D. P., A. Cowling, and C. Donnelly. 2004. Landscape supplementation in adjacent savannas and its implications for the design of corridors for forest birds in the Central Cerrado, Brazil. *Biological Conservation* **118**:353-364.
- Wiens, J. A. 1989. *The Ecology of Bird Communities*, vol. 2: Processes and variations. Cambridge University Press, Cambridge.
- Wiens, J. A. 1995. Habitat Fragmentation - Island V Landscape Perspectives on Bird Conservation. *Ibis* **137**:S97-S104.
- Wilcox, B. A., and D. D. Murphy. 1985. Conservation strategy: the effects of fragmentation on extinction. *American Naturalist* **125**:879-887.

Tabela 1. Áreas e localização dos fragmentos, esforço amostral empregado e indicação dos períodos de amostragem.

Locais	Área total (ha)	Latitude (°, ', ") S	Longitude (°, ', ") W	Esforço de censos (num. pontos)	Esforço de coleta (horas-rede)	Mês (ano) das amostragens	Estação climática
Rondônia (RO)							
RO-1	7.314,81	12 30 45	60 15 54	54	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-2	1.006,35	12 28 09	60 09 18	53	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva
RO-3	135,72	12 39 29	60 07 18	37	-	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-4	1.091,97	11 44 56	60 43 46	46	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-5	1.530,00	11 45 27	60 49 52	52	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva
RO-6	873,36	11 47 20	60 50 06	54	270	jul (00)	seca
						dez (00)	chuva
RO-7	7.481,71	11 45 31	61 02 56	55	270	mai (02)	seca
						dez (00)	chuva

Tabela 1. (continuação)

Brasil Central							
(BC)							
BC-1	1.326,24	17 29 11	47 19 55	28	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-2	413,82	17 24 36	47 16 47	19	180	nov (01)	transição seca/chuva
BC-3	10,26	17 29 24	47 16 05	21	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-4	6,66	17 34 26	47 08 36	25	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-5	747,18	17 33 29	47 09 47	27	270	nov (01)	transição seca/chuva
BC-6	33,30	17 38 22	47 28 22	28	270	nov (01)	transição seca/chuva

Tabela 2 – Variáveis ambientais incluídas nas Análises de Correspondência Canônica.

Variáveis	Fragmentos de Rondônia							Fragmentos do Brasil Central					
	RO-1	RO-2	RO-3	RO-4	RO-5	RO-6	RO-7	CB-1	CB-2	CB-3	CB-4	CB-5	CB-6
Rondônia ¹	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
C_Brazil ²	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
Physiognomies ³	4	3	1	5	6	3	4	9	9	8	7	9	8
Relat_Physiog ⁴	1,00	0,75	0,25	0,83	1,00	0,50	0,67	1,00	1,00	0,89	0,78	1,00	0,89
Physiognomy_H ⁵	0,57	0,52	0,00	1,13	1,18	0,28	1,02	1,17	1,52	1,27	1,81	1,09	1,47
Patches ⁶	726	217	1	528	682	212	2918	811	435	21	49	576	36
Buffer_patches ⁷	149	48	466	9	213	213	320	5	1	2	1	5	2
Patch_density ⁸	9,93	21,56	0,74	48,35	44,58	24,28	39,00	1,64	0,95	0,49	0,14	1,30	0,93
Area ⁹	73,15	10,06	1,36	10,92	15,30	8,73	74,82	13,26	4,14	0,10	0,07	7,47	0,33
Perimeter ¹⁰	362,99	44,76	13,50	197,87	259,97	108,66	860,16	42,42	11,40	1,56	3,18	39,24	3,48
Edge ¹¹	11,97	3,98	3,27	16,89	18,75	10,37	28,05	3,29	1,58	1,37	3,48	4,05	1,70
Campo ¹²	5,54	0,54	0,00	1,62	4,72	8,16	23,48	1,58	0,43	0,01	0,02	0,57	0,04

Cerrado ¹³	61,38	8,57	1,36	4,12	4,75	0,00	38,57	11,41	3,40	0,08	0,02	6,65	0,27
Forest ¹⁴	0,22	0,00	0,00	0,08	0,06	0,00	0,00	0,16	0,15	0,00	0,01	0,05	0,02
Deciduous_For ¹⁵	0,00	0,00	0,00	4,88	5,56	0,21	12,49	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00
Anthropogenic ¹⁶	6,01	0,95	0,00	0,22	0,21	0,36	0,27	0,12	0,15	0,01	0,02	0,20	0,01
Trees ¹⁷	21	13	26	8	0	0	7	40	30	31	32	32	29
Shrubs ¹⁸	48	213	381	1398	197	197	739	250	235	122	138	175	107

¹Presença do fragmento na região de Rondônia;

²Presença do fragmento na região do Brasil Central;

³Número de fitofisionomias no fragmento;

⁴Número de fitofisionomias no fragmento dividido pelo número total fitofisionomias;

⁵Diversidade de fitofisionomias (H') no fragmento;

⁶Número de manchas de vegetação no fragmento;

⁷Número de manchas em um *buffer* de 250 m ao redor dos fragmentos;

⁸Densidade de manchas no fragmento;

⁹Área total do fragmento;

¹⁰Perímetro do fragmento;

¹¹Quantidade de borda do fragmento;

¹²Área de campo no fragmento;

¹³Área de cerrado *sensu stricto* no fragmento;

¹⁴Área de floresta no fragmento;

¹⁵Área de floresta decídua no fragmento;

¹⁶Área alterada por ação antrópica;

¹⁷Número de espécies de árvores > 5cm DAP em um transecto de 300 m, utilizando o método *Point Centered Quarter* (PCQ);

¹⁸Densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm circunferência /200 m².

Tabela 3 – Resultados dos testes individuais das variáveis na Análise Discriminante entre regiões.

Variável	Indi. var. ¹	Indi. var.(%) ²	Indi. F ³	Indi. P ⁴
Physiognomies ⁵	0,786	78,60	40,414	0,0015
Trees ⁶	0,692	69,20	24,689	0,0016
Patch_density ⁷	0,531	53,10	12,470	0,0080
Physiognomy_H ⁸	0,515	51,50	11,695	0,0092
Buffer_patches ⁹	0,466	46,60	9,619	0,0054
Edge ¹⁰	0,445	44,50	8,834	0,0093
Perimeter ¹¹	0,280	28,00	4,286	0,0196
Relat_Physiog ¹²	0,232	23,20	3,328	0,0968
Area ¹³	0,223	22,30	3,161	0,0928
Campo ¹⁴	0,217	21,70	3,056	0,0410
Deciduous_For ¹⁵	0,208	20,80	2,890	0,1228
Shrubs ¹⁶	0,160	16,00	2,094	0,1907
Cerrado ¹⁷	0,142	14,20	1,824	0,2973
Anthropogenic ¹⁸	0,114	11,40	1,422	0,1575
Patches ¹⁹	0,086	8,60	1,035	0,3967
Forest ²⁰	0,010	1,00	0,112	0,7450

¹Variância individual explicada pela variável;

² Porcentagem da variância individual explicada pela variável;

³ Valor de F apresentado pela variável;

⁴ Nível de significância do teste individual;

⁵ Número de fitofisionomias no fragmento;

- ⁶ Número de espécies de árvores > 5cm DAP em um transecto de 300 m, utilizando o método *Point Centered Quarter* (PCQ);
- ⁷ Densidade de manchas no fragmento;
- ⁸ Diversidade de fitofisionomias (H') no fragmento;
- ⁹ Número de manchas em um *buffer* de 250 m ao redor dos fragmentos;
- ¹⁰ Quantidade de borda do fragmento;
- ¹¹ Perímetro total do fragmento;
- ¹² Número de fitofisionomias no fragmento dividido pelo número total fitofisionomias;
- ¹³ Área total do fragmento;
- ¹⁴ Área de campo no fragmento;
- ¹⁵ Área de floresta decídua no fragmento;
- ¹⁶ Densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm circunferência/200 m²;
- ¹⁷ Área de cerrado *sensu stricto* no fragmento;
- ¹⁸ Área alterada por ação antrópica;
- ¹⁹ Número de manchas de vegetação no fragmento;
- ²⁰ Área de floresta no fragmento.

Tabela 4. Número de espécies em fragmentos naturais de Rondônia, agrupadas de acordo com sua dependência de florestas.

Dependência florestal	Todos ¹		RO-1			RO-2			RO-3			RO-4			RO-5			RO-6			RO-7		
	n	%T ²	n	%A ³	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T
Independente	48	32,9	32	44,4	66,7	18	32,7	37,5	17	42,5	35,4	13	20,6	27,1	19	35,2	39,6	13	31,0	27,1	27	42,2	56,3
Semidependente	50	34,2	22	30,6	44,0	23	41,8	46,0	13	32,5	26,0	26	41,3	52,0	23	42,6	46,0	15	35,7	30,0	22	34,4	44,0
Dependente	48	32,9	18	25,0	37,5	14	25,5	29,2	10	25,0	20,8	24	38,1	50,0	12	22,2	25,0	14	33,3	29,2	15	23,4	31,3
Total	146	100,0	72	100,0	49,3	55	100,0	37,7	40	100,0	27,4	63	100,0	43,2	54	100,0	37,0	42	100,0	28,8	64	100,0	43,8

¹Todos os fragmentos combinados.

²Porcentagem da riqueza total.

³Porcentagem da riqueza do fragmento.

Tabela 5. Número de espécies em fragmentos antrópicos do Brasil Central, agrupadas de acordo com sua dependência de florestas.

Dependência florestal	Todos ¹		CB-1			CB-2			CB-3			CB-4			CB-5			CB-6		
	n	%T ²	n	%A ³	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T	n	%A	%T
Independente	68	52.3	39	59.1	57.4	37	66.1	54.4	30	68.2	44.1	27	77.1	39.7	35	62.5	51.5	42	54.5	61.8
Semidependente	43	33.1	22	33.3	51.2	13	23.2	30.2	11	25.0	25.6	7	20.0	16.3	15	26.8	34.9	24	31.2	55.8
Dependente	19	14.6	5	7.6	26.3	6	10.7	31.6	3	6.8	15.8	1	2.9	5.3	6	10.7	31.6	11	14.3	57.9
Total	130	100.0	66	100.0	50.8	56	100.0	43.1	44	100.0	33.8	35	100.0	26.9	56	100.0	43.1	77	100.0	59.2

¹Todos os fragmentos combinados.

²Porcentagem da riqueza total.

³ Porcentagem da riqueza do fragmento.

Tabela 6 – Resultados dos testes individuais das variáveis na Análise de Correspondência Canônica para espécies independentes de floresta.

Variável	Indi. var. ¹	Indi. var.(%) ²	Indi. F ³	Indi. P ⁴
Trees ⁵	0,339	25,13	3,697	0,0001
Patch_density ⁶	0,318	23,57	3,391	0,0001
Rondônia/C_Brazil ⁷	0,317	23,50	3,376	0,0002
Physiognomies ⁸	0,261	19,35	2,640	0,0035
Edge ⁹	0,246	18,24	2,450	0,0006
Buffer_patches ¹⁰	0,219	16,23	2,132	0,0091
Physiognomy_H ¹¹	0,206	15,27	1,977	0,0224
Deciduous_For ¹²	0,184	13,64	1,733	0,0235
Perimeter ¹³	0,169	12,53	1,580	0,0468
Campo ¹⁴	0,16	11,86	1,479	0,0762
Shrubs ¹⁵	0,157	11,64	1,452	0,0857
Area ¹⁶	0,147	10,90	1,340	0,1339
Relat_Physiog ¹⁷	0,143	10,60	1,305	0,1568
Anthropogenic ¹⁸	0,139	10,31	1,265	0,0794
Cerrado ¹⁹	0,138	10,23	1,249	0,1843
Forest ²⁰	0,125	9,27	1,121	0,2945
Patches ²¹	0,113	8,38	1,003	0,4090

¹Variância individual explicada pela variável;

² Porcentagem da variância individual explicada pela variável;

³ F individual apresentado pela variável;

⁴ Nível de significância do teste individual;

- ⁵ Número de espécies de árvores > 5cm DAP em um transecto de 300 m, utilizando o método *Point Centered Quarter* (PCQ);
- ⁶ Densidade de manchas no fragmento;
- ⁷ Denota a região geográfica na qual o fragmento está localizado;
- ⁹ Quantidade de borda no fragmento;
- ⁸ Número de fitofisionomias no fragmento;
- ¹⁰ Número de manchas em um *buffer* de 250 m ao redor dos fragmentos;
- ¹¹ Diversidade de fitofisionomias (H') no fragmento;
- ¹² Área de floresta decídua no fragmento;
- ¹³ Perímetro total do fragmento;
- ¹⁴ Área de campo no fragmento;
- ¹⁵ Densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência /200 m²;
- ¹⁶ Área total do fragmento;
- ¹⁷ Número de fitofisionomias no fragmento dividido pelo número total de fitofisionomias;
- ¹⁸ Área alterada por ação antrópica;
- ¹⁹ Área de cerrado *sensu stricto* no fragmento;
- ²⁰ Área de floresta no fragmento;
- ²¹ Número de manchas de vegetação no fragmento.

Tabela 7 – Resultados de testes individuais de variáveis na Análise de Correspondência Canônica para espécies semidependentes de floresta.

Variável	Indi. var. ¹	Indi. var.(%) ²	Indi. F ³	Indi. P ⁴
Rondônia/C_Brazil ⁵	0,498	23,23	3,325	0,0001
Physiognomies ⁶	0,420	19,59	2,682	0,0013
Trees ⁷	0,399	18,61	2,512	0,0012
Patch_density ⁸	0,372	17,35	2,310	0,0018
Edge ⁹	0,351	16,37	2,154	0,0018
Perimeter ¹⁰	0,292	13,62	1,738	0,0181
Buffer_patches ¹¹	0,286	13,34	1,691	0,0287
Campo ¹²	0,272	12,69	1,599	0,0608
Physiognomy_H ¹³	0,269	12,55	1,576	0,0540
Deciduous_For ¹⁴	0,264	12,31	1,544	0,0544
Area ¹⁵	0,242	11,29	1,399	0,0733
Patches ¹⁶	0,229	10,68	1,318	0,1140
Shrubs ¹⁷	0,219	10,22	1,255	0,1905
Relat_Physiog ¹⁸	0,209	9,75	1,189	0,2104
Cerrado ¹⁹	0,188	8,77	1,060	0,3617
Anthropogenic ²⁰	0,155	7,23	0,856	0,6573
Forest ²¹	0,138	6,44	0,758	0,8141

¹Variância individual explicada pela variável;

² Porcentagem da variância individual explicada pela variável;

³ F individual apresentado pela variável;

⁴ Nível de significância do teste individual;

- ⁵ Denota a região geográfica na qual o fragmento está localizado;
- ⁶ Número de fitofisionomias no fragmento;
- ⁷ Número de espécies de árvores > 5cm DAP em um transecto de 300 m, usando o método *Point Centered Quarter* (PCQ);
- ⁸ Densidade de manchas no fragmento;
- ⁹ Quantidade de borda no fragmento;
- ¹⁰ Perímetro total do fragmento;
- ¹¹ Número de manchas em um *buffer* de 250 m ao redor dos fragmentos;
- ¹² Área de campo no fragmento;
- ¹³ Diversidade de fitofisionomias (H') no fragmento;
- ¹⁴ Área de floresta decídua no fragmento;
- ¹⁵ Área total do fragmento;
- ¹⁶ Número de manchas de vegetação no fragmento;
- ¹⁷ Densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência /200 m²;
- ¹⁸ Número de fitofisionomias em um fragmento dividido pelo número total de fitofisionomias;
- ¹⁹ Área de cerrado *sensu stricto* em um fragmento;
- ²⁰ Área alterada por ação antrópica;
- ²¹ Área de floresta no fragmento.

Tabela 8 – Resultados de testes individuais de variáveis na Análise de Correspondência Canônica para espécies dependentes de floresta.

Variável	Indi. var. ¹	Indi. var.(%) ²	Indi. F ³	Indi. P ⁴
Rondônia/C_Brazil ⁵	0,523	19,66	2,691	0,0002
Trees ⁶	0,422	15,87	2,075	0,0010
Physiognomies ⁷	0,387	14,55	1,873	0,0095
Patch_density ⁸	0,348	13,09	1,655	0,0212
Shrubs ⁹	0,342	12,86	1,622	0,0970
Edge ¹⁰	0,282	10,61	1,306	0,1743
Buffer_patches ¹¹	0,274	10,30	1,266	0,1741
Physiognomy_H ¹²	0,249	9,36	1,136	0,2589
Deciduous_For ¹³	0,224	8,42	1,010	0,3978
Campo ¹⁴	0,206	7,74	0,925	0,5066
Relat_Physiog ¹⁵	0,205	7,71	0,917	0,5298
Perimeter ¹⁶	0,198	7,44	0,885	0,5579
Patches ¹⁷	0,188	7,07	0,836	0,6019
Forest ¹⁸	0,171	6,43	0,757	0,7123
Area ¹⁹	0,153	5,75	0,672	0,7956
Anthropogenic ²⁰	0,150	5,64	0,659	0,7576
Cerrado ²¹	0,138	5,19	0,603	0,8594

¹ Variância individual explicada pela variável;

² Porcentagem da variância individual explicada pela variável;

³ F individual apresentado pela variável;

⁴ Nível de significância do teste individual;

- ⁵ Denota a região geográfica na qual o fragmento está localizado;
- ⁶ Número de espécies de árvores > 5cm DAP em um transecto de 300 m, usando o método *Point Centered Quarter* (PCQ);
- ⁷ Número de fitofisionomias no fragmento;
- ⁸ Densidade de manchas no fragmento;
- ⁹ Densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência /200 m²;
- ¹⁰ Quantidade de borda no fragmento;
- ¹¹ Número de manchas em um *buffer* de 250 m ao redor dos fragmentos;
- ¹² Diversidade de fitofisionomias (H') no fragmento;
- ¹³ Área de floresta decídua no fragmento;
- ¹⁴ Área de campo no fragmento;
- ¹⁵ Número de fitofisionomias no fragmento dividido pelo número total de fitofisionomias;
- ¹⁶ Perímetro total do fragmento;
- ¹⁷ Número de manchas de vegetação no fragmento;
- ¹⁸ Área de floresta no fragmento;
- ¹⁹ Área total do fragmento;
- ²⁰ Área alterada por ação antrópica;
- ²¹ Área de cerrado *sensu stricto* no fragmento.

Legendas das figuras

Figura 1. Localização dos fragmentos naturais de Cerrado no estado de Rondônia.

Figura 2. Localização de fragmentos antrópicos de Cerrado no Brasil Central.

Figura 3. Primeiros dois eixos mostrando as cinco variáveis ambientais que significativamente discriminaram entre fragmentos de Cerrado naturais (RO-1 a RO-7) e antrópicos (CB-1 a CB-6) na análise discriminante. Círculos representam fragmentos, triângulos representam os valores médios para cada conjunto de fragmentos. As variáveis são: *physiognomies*: o número de fitofisionomias no fragmento; *patch_density*: densidade de manchas no fragmento; *forest*: área de floresta no fragmento; *shrubs*: densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência/200 m²; e *physiognomy_H'*: o índice de diversidade de Shannon calculado para fitofisionomias no fragmento.

Figura 4. Diagrama de ordenação da Análise de Correspondência Canônica com espécies de aves independentes de floresta (triângulos), fragmentos (círculos) e variáveis ambientais (flechas). Primeiro eixo na horizontal, segundo eixo na vertical. As espécies de aves independentes de floresta são: 1-*Salvatoria xanthops*, 2-*Ammodramus humeralis*, 3-*Anthus lutescens*, 4-*Anumbius annumbi*, 5-*Aratinga aurea*, 6-*Buteo albicaudatus*, 7-*Rupornis magnirostris*, 8-*Heterospizias meridionalis*, 9-*Camptostoma obsoletum*, 10-*Caprimulgus parvulus*, 11-*Caracara plancus*, 12-*Cariama cristata*, 13-*Charitospiza eucosma*, 14-*Chrysolampis mosquitus*, 15-*Colaptes campestris*, 16-*Columbina minuta*, 17-*Columbina talpacoti*, 18-*Crotophaga ani*, 19-*Crypturellus parvirostris*, 20-*Cyanocorax cristatellus*, 21-*Cypsnagra hirundinacea*, 22-*Elaenia chiriquensis*, 23-*Elaenia cristata*, 24-*Emberizoides herbicola*, 25-*Eupetomena macroura*, 26-*Falco sparverius*, 27-*Formicivora rufa*, 28-*Furnarius rufus*, 29-*Gampsonyx*

swainsonii, 30-*Geositta poeciloptera*, 31-*Gnorimopsar chopi*, 32-*Guira guira*, 33-*Heliactin bilophus*, 34-*Lepidocolaptes angustirostris*, 35-*Melanopareia torquata*, 36-*Micropygia schomburgkii*, 37-*Milvago chimachima*, 38-*Mimus saturninus*, 39-*Molothrus bonariensis*, 40-*Myiarchus swainsoni*, 41-*Myiophobus fasciatus*, 42-*Neothraupis fasciata*, 43-*Nothura maculosa*, 44-*Nystalus chacuru*, 45-*Sporophila angolensis*, 46-*Phaeomyias murina*, 47-*Pitangus sulphuratus*, 48-*Polytmus guainumbi*, 49-*Polytmus theresiae*, 50-*Porphyrospiza caerulescens*, 51-*Pseudoleistes guirahuro*, 52-*Pyrocephalus rubinus*, 53-*Rhynchotus rufescens*, 54-*Saltator atricollis*, 55-*Columbina squammata*, 56-*Schistochlamys melanopis*, 57-*Schistochlamys ruficapillus*, 58-*Sicalis citrina*, 59-*Sicalis flaveola*, 60-*Athene cunicularia*, 61-*Sporophila nigricollis*, 62-*Sporophila plumbea*, 63-*Suiriri suiriri*, 64-*Synallaxis albescens*, 65-*Syrigma sibilatrix*, 66-*Tangara cayana*, 67-*Thamnophilus torquatus*, 68-*Troglodytes musculus*, 69-*Tyrannus albogularis*, 70-*Tyrannus melancholicus*, 71-*Tyrannus savana*, 72-*Vanellus chilensis*, 73-*Volatinia jacarina*, 74-*Xolmis cinereus*, 75-*Xolmis velatus*, e 76-*Zonotrichia capensis*. As variáveis ambientais são: Trees>5 cm: número de espécies de árvores > 5 cm DAP; Rondônia and C_Brazil: região geográfica onde as áreas de estudo estão localizadas, respectivamente para fragmentos de Rondônia (RO-1 a RO-7) e do Brasil Central (CB-1 a CB-6). Espécies e áreas localizadas ao longo dos alinhamentos e na mesma direção das flechas apresentam a mais forte associação com as variáveis ambientais representadas pelas flechas. Valores separados por uma vírgula representam pontos (espécies e fragmentos) que encontram-se sobrepostos no diagrama.

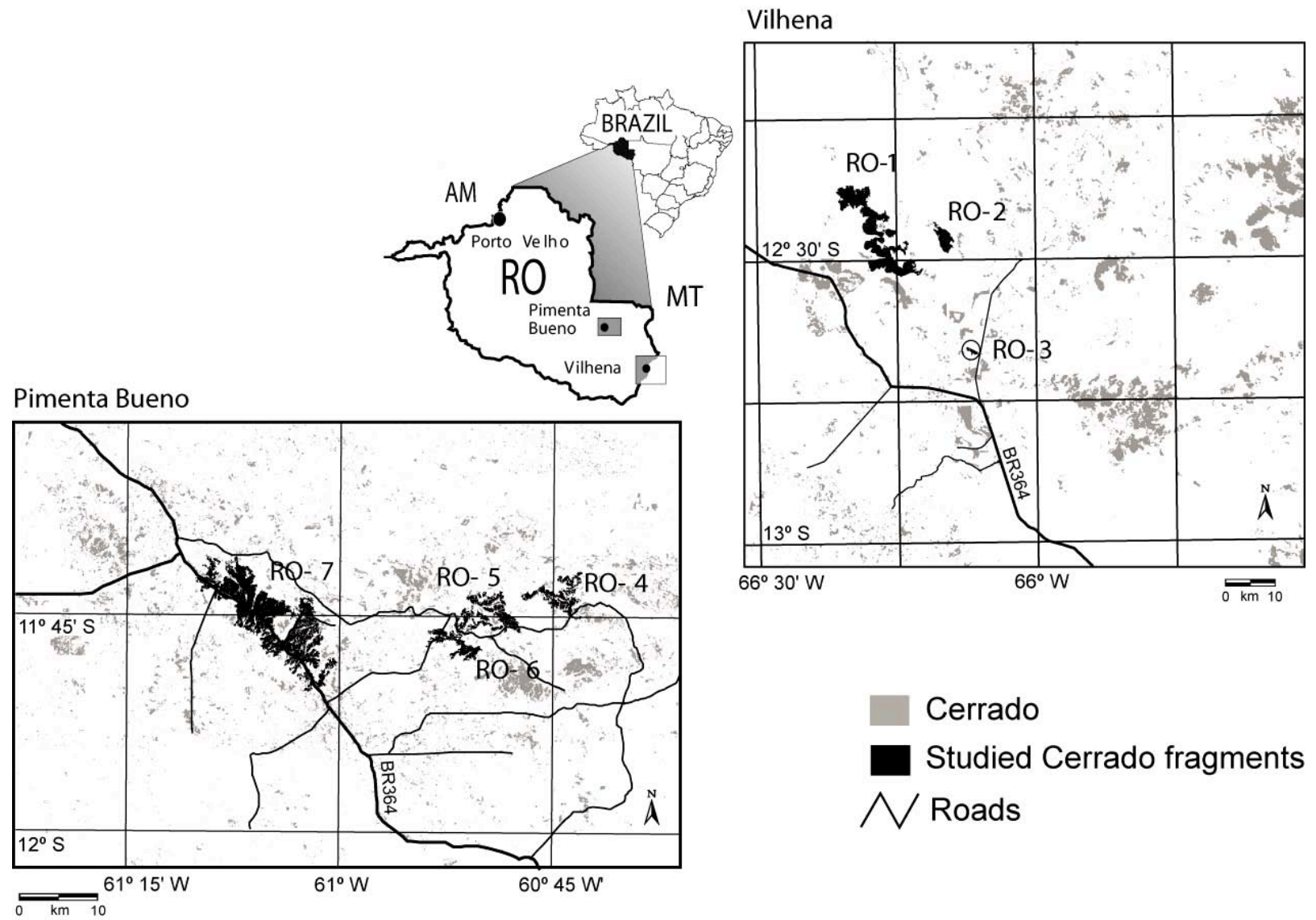
Figura 5. Diagrama de ordenação da Análise de Correspondência Canônica com espécies de aves semipendentes de floresta (triângulos), fragmentos (círculos), e

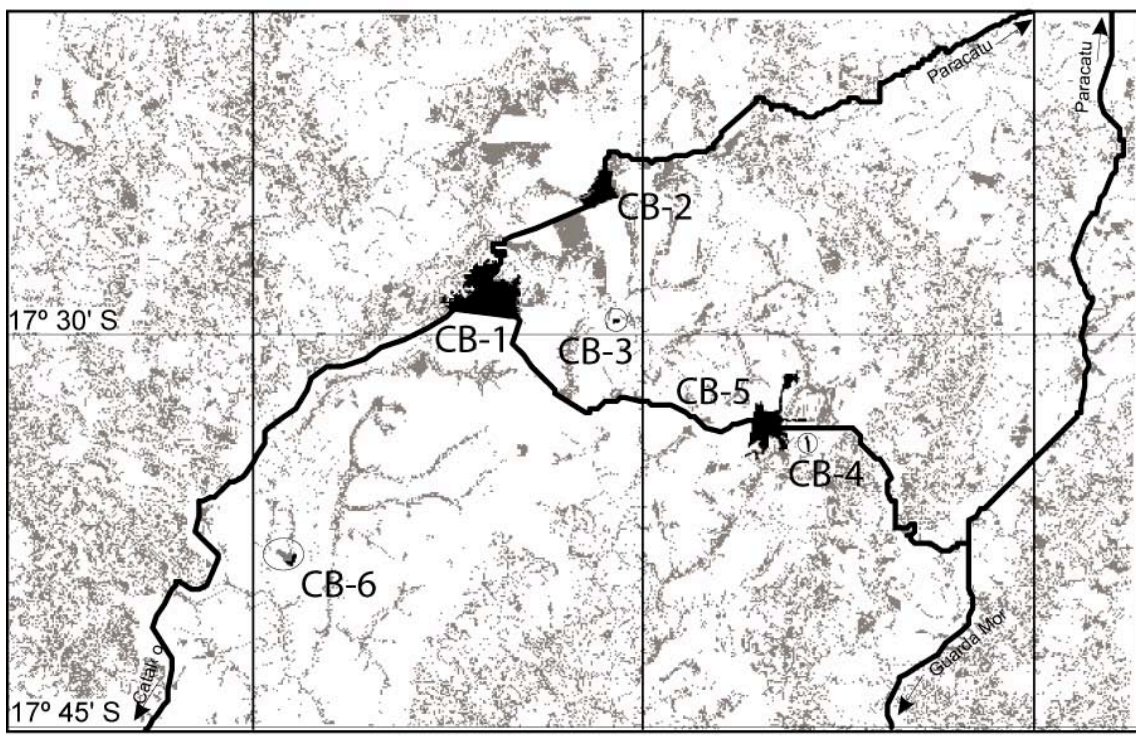
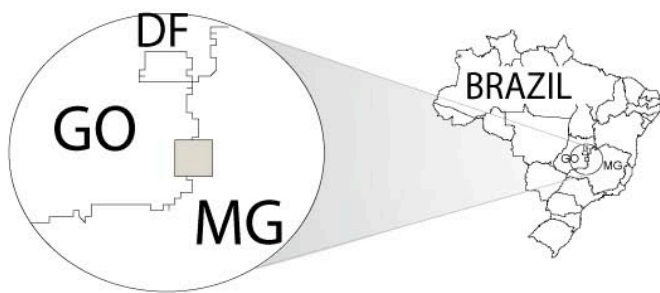
variáveis ambientais (flechas). Primeiro eixo na horizontal, segundo eixo na vertical. As espécies de aves semidependentes de floresta são: 1-*Amazilia chionogaster*, 2-*Amazilia fimbriata*, 3-*Anthracotorax nigricollis*, 4-*Aramides cajanea*, 5-*Buteo nitidus*, 6-*Chelidoptera tenebrosa*, 7-*Colibri serrirostris*, 8-*Patagioenas picazuro*, 9-*Patagioenas speciosa*, 10-*Coryphospingus cucullatus*, 11-*Cyanocorax chrysops*, 12-*Cyclarhis gujanensis*, 13-*Diopsittaca nobilis*, 14-*Dryocopus lineatus*, 15-*Elaenia flavogaster*, 16-*Empidonomus varius*, 17-*Euphonia chlorotica*, 18-*Euscarthmus meloryphus*, 19-*Formicivora grisea*, 20-*Galbula ruficauda*, 21-*Hemitriccus margaritaceiventer*, 22-*Hemitriccus striaticollis*, 23-*Herpetotheres cacchinans*, 24-*Hylocharis cyanus*, 25-*Icterus cayanensis*, 26-*Laterallus viridis*, 27-*Legatus leucophaeus*, 28-*Leptotila verreauxi*, 29-*Megarhynchus pitangua*, 30-*Melanerpes candidus*, 31-*Myiarchus ferox*, 32-*Myiarchus tyrannulus*, 33-*Nyctidromus albicollis*, 34-*Nystalus maculatus*, 35-*Orthopsittaca manilata*, 36-*Pachyramphus polychopterus*, 37-*Phacellodomus ruber*, 38-*Phacellodomus rufifrons*, 39-*Phaethornis nattereri*, 40-*Phaethornis pretrei*, 41-*Piaya cayana*, 42-*Picumnus albosquamatus*, 43-*Pionus maximiliani*, 44-*Polioptila dumicola*, 45-*Ramphastos toco*, 46-*Ramphocelus carbo*, 47-*Sublegatus modestus*, 48-*Synallaxis hypospodia*, 49-*Tachyphonus phoenicius*, 50-*Taraba major*, 51-*Thalurania furcata*, 52-*Thamnophilus doliatus*, 53-*Thlypopsis sordida*, 54-*Thraupis episcopus*, 55-*Thraupis palmarum*, 56-*Thraupis sayaca*, 57-*Todirostrum cinereum*, 58-*Turdus ignobilis*, 59-*Turdus leucomelas*, 60-*Tyrannulus elatus*, 61-*Xenopipo atronitens*, 62-*Xiphorhynchus picus*. As variáveis ambientais são: Rondônia and C_Brazil, que nota a região geográfica onde as áreas de estudo estão localizadas, respectivamente para fragmentos de Rondônia (RO-1 a RO-7) e do Brasil

Central (CB-1 a CB-6). Espécies e áreas localizadas ao longo dos alinhamentos e na mesma direção das flechas apresentam a mais forte associação com as variáveis ambientais representadas pelas flechas. Valores separados por uma vírgula representam pontos (espécies e fragmentos) que encontram-se sobrepostos no diagrama.

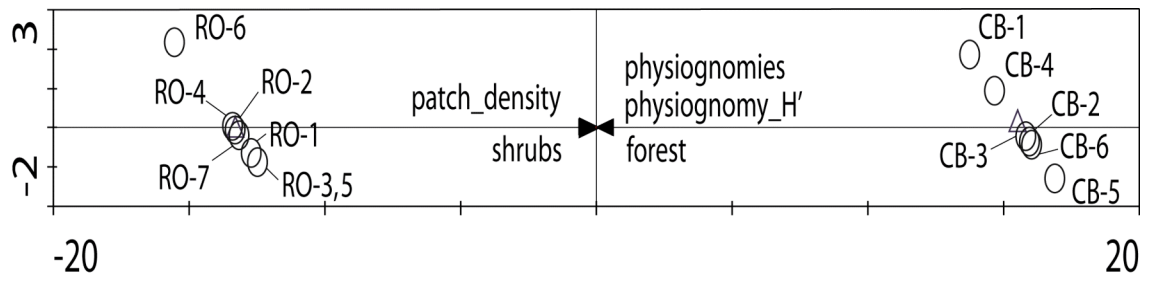
Figura 6. Diagrama de ordenação da Análise de Correspondência Canônica com espécies de aves dependentes de floresta (triângulos), fragmentos (círculos), e variáveis ambientais (flechas). Primeiro eixo na horizontal, segundo eixo na vertical. As espécies de aves dependentes de floresta são: 1-*Amazilia versicolor*, 2-*Amazona aestiva*, 3-*Amazona farinosa*, 4-*Ara severa*, 5-*Basileuterus culicivorus*, 6-*Basileuterus flaveolus*, 7-*Campephilus melanoleucos*, 8-*Casiornis rufus*, 9-*Chiroxiphia pareola*, 10-*Cnemotriccus fuscatus*, 11-*Patagioenas cayennensis*, 12-*Patagioenas plumbea*, 13-*Columba subvinacea*, 14-*Crypturellus soui*, 15-*Crypturellus undulatus*, 16-*Cyanerpes cyaneus*, 17-*Dendrocolaptes picumnus*, 18-*Elaenia spectabilis*, 19-*Florisuga mellivora*, 20-*Glaucis hirsutus*, 21-*Glyphorynchus spirurus*, 22-*Harpagus bidentatus*, 23-*Heliomaster squamosus*, 24-*Hemithraupis guira*, 25-*Herpsilochmus longirostris*, 26-*Leptopogon amaurocephalus*, 27-*Leptotila rufaxilla*, 28-*Melanerpes cruentatus*, 29-*Mionectes macconnelli*, 30-*Myiodynastes maculatus*, 31-*Myiornis ecaudatus*, 32-*Myiozetetes cayanensis*, 33-*Neopelma pallescens*, 34-*Phaethornis malaris*, 35-*Phaethornis ruber*, 36-*Philohydor lictor*, 37-*Coccyua minuta*, 38-*Pipra rubrocapilla*, 39-*Platyrrinchus mystaceus*, 40-*Discosura langsdorffi*, 41-*Psarocolius decumanus*, 42-*Pyriglena leuconota*, 43-*Ramphocaenus melanurus*, 44-*Saltator grossus*, 45-*Saltator maximus*, 46-*Schiffornis turdinus*, 47-*Synallaxis frontalis*, 48-*Tachyphonus rufus*, 49-*Thamnophilus caerulescens*, 50-

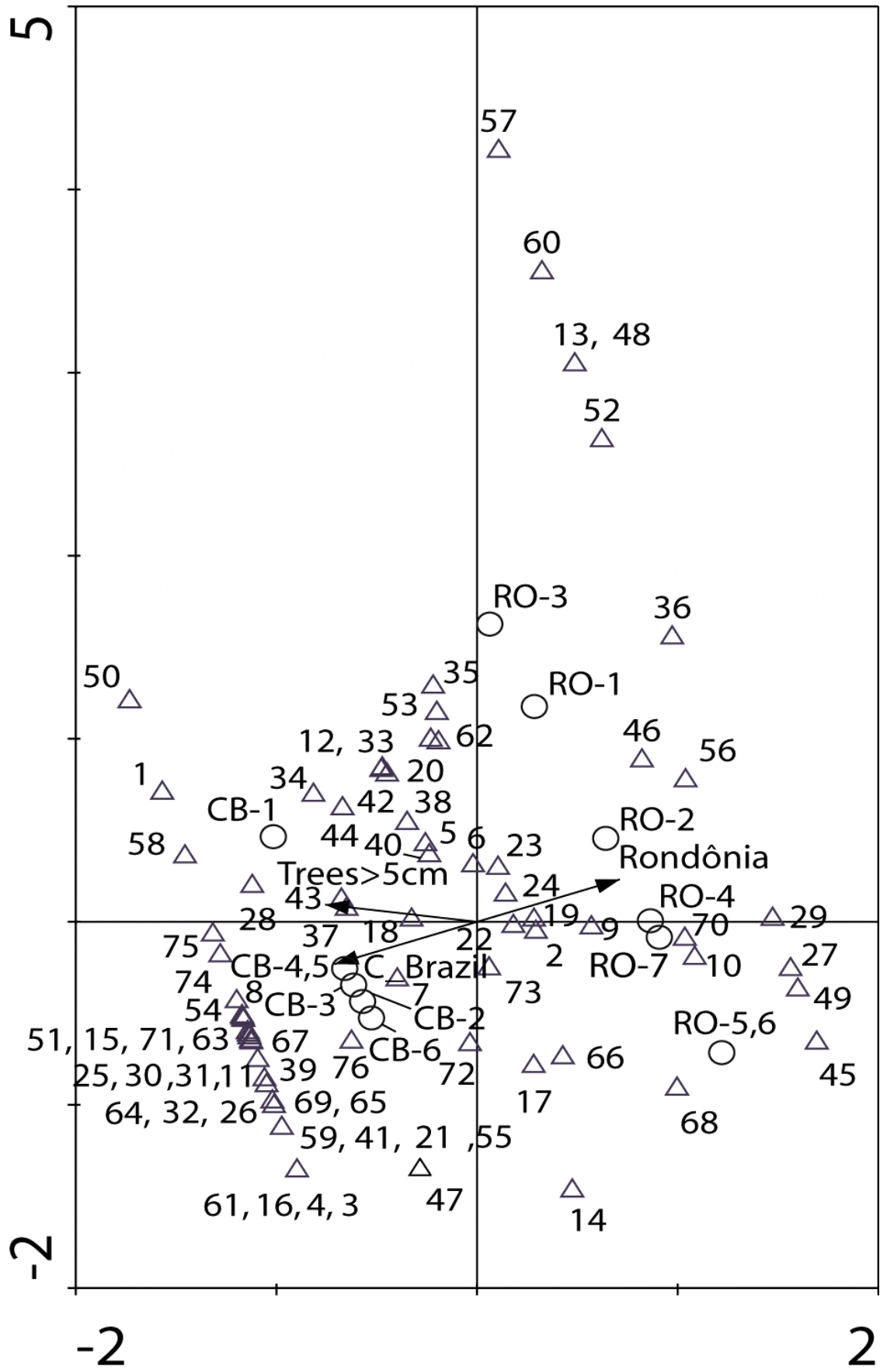
Thamnophilus pelzelni, 51-*Thryothorus genibarbis*, 52-*Thryothorus leucotis*, 53-*Poecilatriccus latirostris*, 54-*Tolmomyias flaviventris*, 55-*Tolmomyias sulphurescens*, 56-*Tyrannetes stolzmanni*, 57-*Veniliornis affinis*, 58-*Vireo olivaceus*, 59-*Xenops rutilans*. As variáveis ambientais são: Shrub: densidade de arbustos > 1 m de altura e > 1 cm de circunferência /200 m²; Rondônia and C_Brazil: região geográfica onde as áreas de estudo estão localizadas, respectivamente para fragmentos de Rondônia (RO-1 a RO-7) e do Brasil Central (CB-1 a CB-6). Espécies e áreas localizadas ao longo dos alinhamentos e na mesma direção das flechas apresentam a mais forte associação com as variáveis ambientais representadas pelas flechas. Valores separados por uma vírgula representam pontos (espécies e fragmentos) que encontram-se sobrepostos no diagrama.

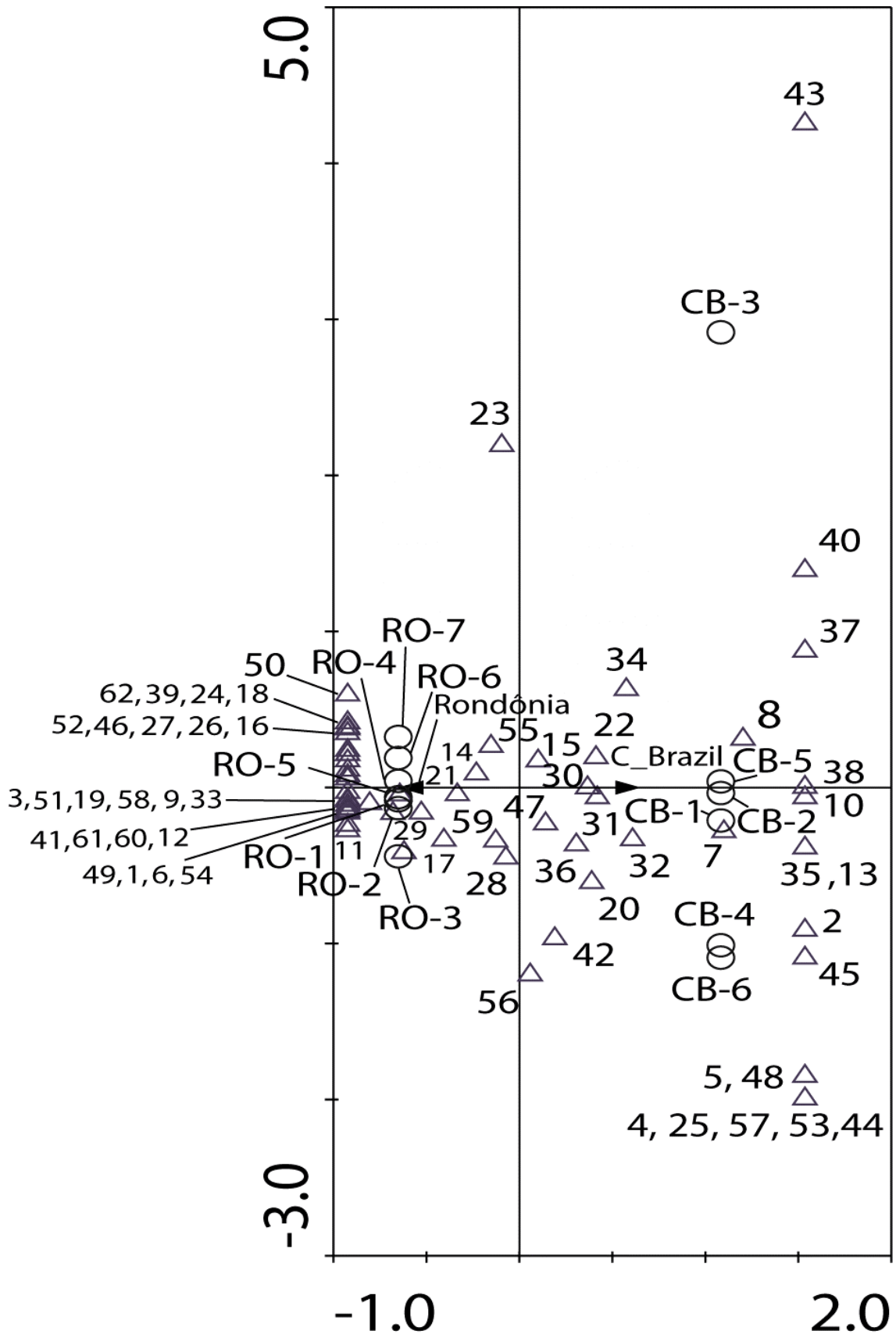


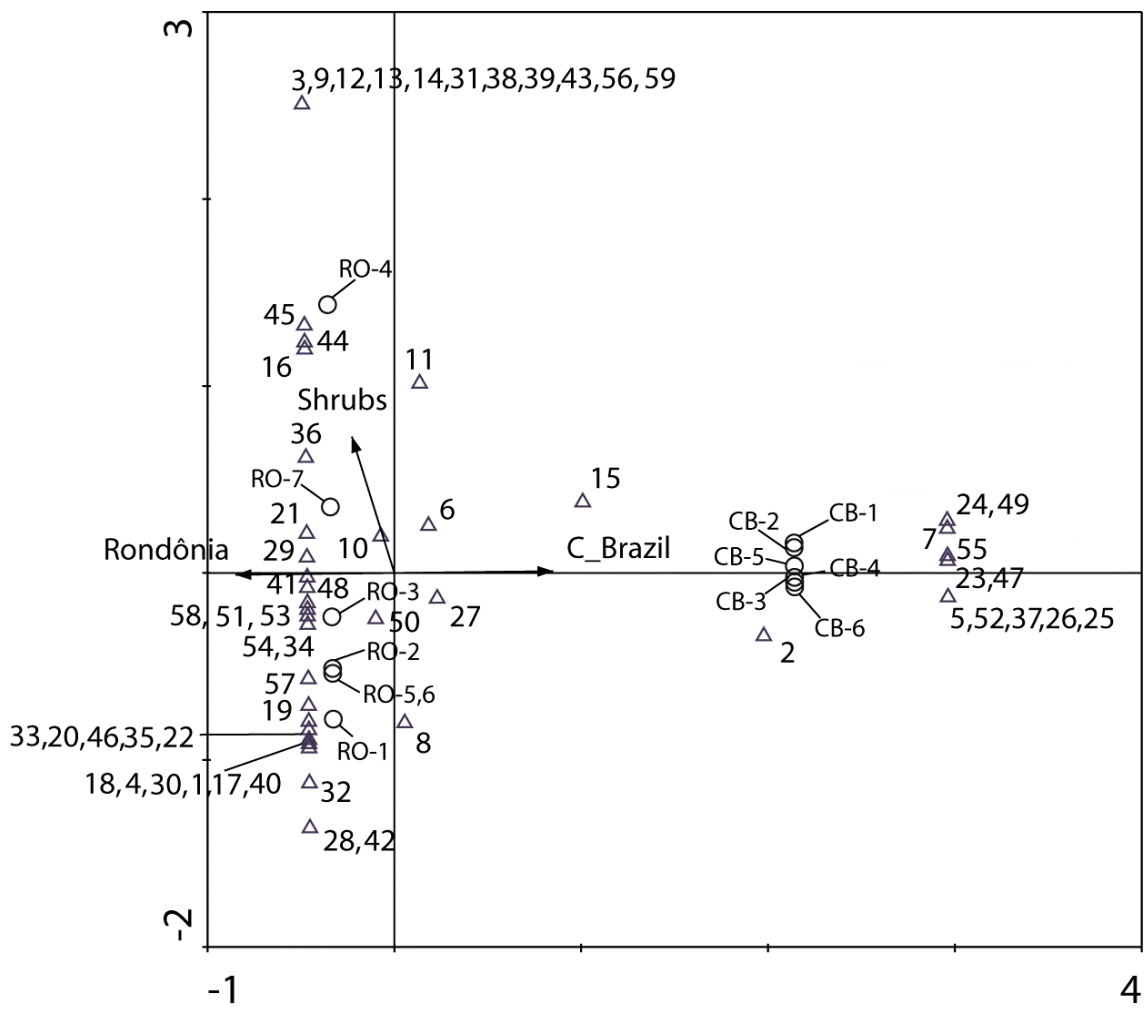


-  Cerrado
-  Studied Cerrado fragments
-  Roads









Anexo 1 – Abundâncias das espécies de aves em fragmentos naturais (RO-1 a RO-7) e antrópicos (CB-1 to CB-6) de Cerrado, padronizadas de acordo com o esforço amostral¹.

Táxon ²	Rondônia							Brasil Central						F. Dep ³	
	RO-1	RO-2	RO-3	RO-4	RO-5	RO-6	RO-7	CB-1	CB-2	CB-3	CB-4	CB-5	CB-6		
Tinamidae															
<i>Crypturellus soui</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Crypturellus undulatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	3
<i>Crypturellus parvirostris</i>	0,444	0,000	0,148	0,099	0,198	0,296	0,617	0,148	0,278	0,222	0,074	0,333	0,185	0,000	1
<i>Rhynchotus rufescens</i>	0,370	0,247	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,111	0,074	0,000	0,111	0,111	0,000	1
<i>Nothura maculosa</i>	0,000	0,148	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,167	0,222	0,000	0,185	0,222	0,000	1
Ardeidae															
<i>Syrigma sibilatrix</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	0,000	1
Cathartidae															
<i>Cathartes aura</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	1
<i>Coragyps atratus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1

Accipitridae

<i>Gampsonyx swainsonii</i>	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Harpagus bidentatus</i>	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Heterospizias meridionalis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,037	0,000	0,074	1
<i>Rupornis magnirostris</i>	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,049	0,000	0,111	0,111	0,000	0,000	0,074	0,000	1
<i>Buteo albicaudatus</i>	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	1
<i>Buteo nitidus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	2

Falconidae

<i>Caracara plancus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,111	0,074	0,000	0,111	0,074	1
<i>Milvago chimachima</i>	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,049	0,074	0,000	0,000	0,074	0,111	0,111	1
<i>Herpetotheres cachinnans</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	2
<i>Falco sparverius</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,000	0,074	0,000	0,000	1

Rallidae

<i>Micropygia schomburgkii</i>	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,123	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Aramides cajanea</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Laterallus viridis</i>	0,148	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2

Cariamidae														
<i>Cariama cristata</i>	0,370	0,198	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,185	0,074	0,296	0,259	1
Charadriidae														
<i>Vanellus chilensis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,000	0,000	0,111	0,000	0,185	0,148	1
Columbidae														
<i>Columbina minuta</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	1
<i>Columbina talpacoti</i>	0,000	0,000	0,000	0,247	0,123	0,000	0,296	0,000	0,222	0,037	0,148	0,000	0,296	1
<i>Columbina squammata</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,111	0,148	1
<i>Patagioenas speciosa</i>	0,148	0,173	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Patagioenas picazuro</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,198	0,000	0,000	0,296	0,278	0,222	0,111	0,185	0,185	2
<i>Patagioenas cayennensis</i>	0,198	0,000	0,000	0,790	0,000	0,000	0,617	0,074	0,056	0,037	0,037	0,037	0,037	3
<i>Patagioenas plumbea</i>	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Patagioenas subvinacea</i>	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Leptotila verreauxi</i>	0,123	0,099	0,000	0,173	0,000	0,000	0,000	0,037	0,056	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Leptotila rufaxilla</i>	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	3
Psittacidae														

<i>Ara severa</i>	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Orthopsittaca manilata</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Diopsittaca nobilis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Aratinga aurea</i>	0,494	0,148	0,074	0,000	0,000	0,000	0,420	0,222	0,333	0,407	0,185	0,296	0,000	1
<i>Salvatoria xanthops</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,333	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	1
<i>Pionus maximiliani</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,926	0,000	0,185	0,000	2
<i>Amazona aestiva</i>	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,148	0,000	0,259	0,074	3
<i>Amazona farinosa</i>	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Cuculidae														
<i>Piaya cayana</i>	0,099	0,000	0,000	0,049	0,099	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	2
<i>Coccyua minuta</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	3
<i>Crotophaga ani</i>	0,247	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,370	0,222	0,333	0,296	0,000	0,000	0,222	1
<i>Guira guira</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,000	0,000	0,000	1
Strigidae														
<i>Megascops choliba</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	2
<i>Glaucidium brasilianum</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2

<i>Athene cunicularia</i>	0,099	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
Caprimulgidae														
<i>Nyctidromus albicollis</i>	0,099	0,000	0,148	0,000	0,074	0,074	0,198	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Caprimulgus parvulus</i>	0,000	0,000	0,074	0,074	0,123	0,123	0,198	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	1
Trochilidae														
<i>Glaucis hirsutus</i>	0,099	0,049	0,000	0,000	0,148	0,049	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Phaethornis nattereri</i>	0,000	0,000	0,000	0,049	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Phaethornis ruber</i>	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Phaethornis pretrei</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,056	0,037	0,000	0,000	0,000	2
<i>Phaethornis malaris</i>	0,000	0,000	0,074	0,049	0,099	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Eupetomena macroura</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,167	0,259	0,185	0,926	0,333	1
<i>Florisuga mellivora</i>	0,049	0,000	0,111	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Colibri serrirostris</i>	0,123	0,000	0,111	0,000	0,148	0,000	0,000	0,296	0,444	0,111	0,111	0,593	0,444	2
<i>Anthracotorax nigricollis</i>	0,000	0,000	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Chrysolampis mosquitus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,025	0,000	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Discosura langsdorffi</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3

<i>Thalurania furcata</i>	0,000	0,000	0,000	0,222	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Hylocharis cyanus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Polytmus guainumbi</i>	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Polytmus theresiae</i>	0,296	0,222	0,000	0,000	0,617	0,420	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Amazilia chionogaster</i>	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Amazilia versicolor</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,198	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Amazilia fimbriata</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,167	0,000	0,111	0,222	0,259	2
<i>Heliactin bilophus</i>	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	1
<i>Heliomaster squamosus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	3
Galbulidae														
<i>Galbula ruficauda</i>	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	2
Bucconidae														
<i>Nystalus chacuru</i>	0,296	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,333	0,074	0,074	0,296	0,222	1
<i>Nystalus maculatus</i>	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,074	0,000	0,074	0,000	2
<i>Chelidoptera tenebrosa</i>	0,247	0,173	0,000	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
Ramphastidae														

<i>Ramphastos toco</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,000	0,111	0,185	0,333	2
Picidae														
<i>Picumnus albosquamatus</i>	0,000	0,099	0,000	0,000	0,049	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	2
<i>Melanerpes candidus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,000	0,173	0,185	0,167	0,000	0,000	0,148	0,000	2
<i>Melanerpes cruentatus</i>	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Veniliornis affinis</i>	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Colaptes campestris</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,167	0,074	0,111	0,222	0,259	1
<i>Dryocopus lineatus</i>	0,000	0,123	0,000	0,074	0,123	0,074	0,173	0,074	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	2
<i>Campephilus melanoleucos</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Melanopareiidae														
<i>Melanopareia torquata</i>	0,494	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,000	0,000	0,111	0,259	0,000	1
Thamnophilidae														
<i>Taraba major</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Thamnophilus doliatus</i>	0,000	0,000	0,074	0,000	0,099	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Thamnophilus pelzelni</i>	0,296	0,296	0,222	0,198	0,395	0,420	0,593	0,000	0,111	0,000	0,000	0,000	0,148	3
<i>Thamnophilus caerulescens</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3

<i>Thamnophilus torquatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	1
<i>Herpsilochmus longirostris</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,259	3
<i>Formicivora grisea</i>	0,123	0,370	0,111	0,296	0,494	0,370	0,395	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Formicivora rufa</i>	0,198	0,617	0,185	0,370	0,840	1,111	0,691	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Pyriglena leuconota</i>	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Scleruridae															
<i>Geositta poeciloptera</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	1
Dendrocolaptidae															
<i>Glyphorhynchus spirurus</i>	0,000	0,000	0,000	0,025	0,025	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Dendrocolaptes picumnus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Xiphorhynchus picus</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Lepidocolaptes angustirostris</i>	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,259	0,167	0,000	0,074	0,296	0,000	0,000	1
Furnariidae															
<i>Furnarius rufus</i>	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,074	0,000	0,259	0,148	0,000	1
<i>Synallaxis frontalis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	3
<i>Synallaxis albescens</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,037	0,074	0,185	0,148	0,000	1

<i>Synallaxis hypospodia</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	2
<i>Phacellodomus rufifrons</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,111	0,037	0,000	0,148	0,074	2
<i>Phacellodomus ruber</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,167	0,074	0,000	0,000	0,000	2
<i>Anumbius annumbi</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	1
<i>Xenops rutilans</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Tyrannidae														
<i>Mionectes macconnelli</i>	0,074	0,074	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Leptopogon amaurocephalus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	3
<i>Hemitriccus striaticollis</i>	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	0,000	2
<i>Hemitriccus margaritaceiventer</i>	0,148	0,247	0,000	0,000	0,000	0,000	0,198	0,185	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Poecilatriccus latirostris</i>	0,049	0,049	0,000	0,000	0,000	0,099	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Todirostrum cinereum</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Tyrannulus elatus</i>	0,123	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Elaenia flavogaster</i>	0,370	0,370	0,148	0,000	0,148	0,296	0,222	0,148	0,389	0,185	0,000	0,148	0,222	2
<i>Elaenia spectabilis</i>	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Elaenia albiceps</i>	0,074	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1

<i>Elaenia parvirostris</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Elaenia cristata</i>	0,444	0,346	0,296	0,000	0,198	0,247	0,370	0,296	0,278	0,000	0,000	0,444	0,630	1
<i>Elaenia chiriquensis</i>	0,617	0,420	0,556	0,000	0,741	1,037	0,691	0,667	0,944	0,111	0,333	0,926	0,519	1
<i>Camptostoma obsoletum</i>	0,370	0,420	0,000	0,222	0,173	0,321	0,617	0,185	0,000	0,000	0,111	0,185	0,519	1
<i>Suiriri suiriri</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,389	0,000	0,185	0,444	0,222	1
<i>Phaeomyias murina</i>	0,469	0,000	0,000	0,000	0,198	0,000	0,420	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Euscarthmus meloryphus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,123	0,123	0,321	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Sublegatus modestus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Myiornis ecaudatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Tolmomyias sulphurescens</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,056	0,111	0,000	0,111	0,000	3
<i>Tolmomyias flaviventris</i>	0,617	0,420	0,296	0,444	0,494	0,494	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Platyrinchus mystaceus</i>	0,000	0,000	0,000	0,123	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Myiophobus fasciatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Cnemotriccus fuscatus</i>	0,123	0,173	0,185	0,198	0,000	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	3
<i>Pyrocephalus rubinus</i>	0,000	0,000	0,185	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Xolmis cinereus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,111	0,000	0,000	0,000	0,000	1

<i>Xolmis velatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,074	0,000	0,074	1
<i>Legatus leucophaeus</i>	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Myiozetetes cayanensis</i>	0,494	0,000	0,000	0,000	0,247	0,346	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Pitangus sulphuratus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,259	1
<i>Philohydor lictor</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Myiodynastes maculatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Megarhynchus pitangua</i>	0,000	0,198	0,000	0,099	0,000	0,099	0,198	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Empidonomus varius</i>	0,123	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,173	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Tyrannus albogularis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	1
<i>Tyrannus melancholicus</i>	0,346	0,716	0,000	0,198	0,420	0,593	0,444	0,148	0,222	0,000	0,000	0,000	0,111	1
<i>Tyrannus savana</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,111	0,148	0,000	0,074	0,000	1
<i>Casiornis rufus</i>	0,296	0,222	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Myiarchus swainsoni</i>	0,370	0,444	0,148	0,148	0,000	0,000	0,296	0,296	0,278	0,259	0,370	0,370	0,259	1
<i>Myiarchus ferox</i>	0,148	0,099	0,000	0,148	0,000	0,099	0,000	0,148	0,000	0,074	0,111	0,148	0,111	2
<i>Myiarchus tyrannulus</i>	0,000	0,000	0,111	0,000	0,074	0,000	0,000	0,148	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	2

Pipridae

<i>Neopelma pallescens</i>	0,049	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Tyranneutes stolzmanni</i>	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Chiroxiphia pareola</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Xenopipo atronitens</i>	0,000	0,049	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Pipra rubrocapilla</i>	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Tityridae														
<i>Schiffornis turdinus</i>	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Pachyramphus polychopterus</i>	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	2
Vireonidae														
<i>Cyclarhis gujanensis</i>	0,444	0,370	0,185	0,148	0,000	0,000	0,519	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	2
<i>Vireo olivaceus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,123	0,000	0,123	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
Corvidae														
<i>Cyanocorax cristatellus</i>	0,519	0,864	0,259	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,333	0,000	0,111	0,333	0,259	1
<i>Cyanocorax chrysops</i>	0,222	0,346	0,148	0,099	0,173	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	2
Troglodytidae														
<i>Troglodytes musculus</i>	0,000	0,000	0,000	0,346	0,667	1,037	0,741	0,222	0,111	0,185	0,000	0,370	0,000	1

<i>Thryothorus genibarbis</i>	0,247	0,000	0,000	0,148	0,296	0,198	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Thryothorus leucotis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	3
Poliptilidae														
<i>Ramphocaenus melanurus</i>	0,000	0,000	0,000	0,025	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Poliptila dumicola</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	2
Turdidae														
<i>Turdus leucomelas</i>	0,420	0,000	0,000	0,099	0,296	0,000	0,025	0,111	0,000	0,000	0,000	0,111	0,148	2
<i>Turdus amaurochalinus</i>	0,099	0,099	0,000	0,049	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Turdus ignobilis</i>	0,000	0,074	0,000	0,099	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
Mimidae														
<i>Mimus saturninus</i>	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,278	0,000	0,000	0,000	0,222	1
Motacillidae														
<i>Anthus lutescens</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	1
Coerebidae														
<i>Coereba flaveola</i>	0,123	0,173	0,000	0,247	0,000	0,099	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
Thraupidae														

<i>Schistochlamys melanopis</i>	0,198	0,198	0,148	0,000	0,099	0,099	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	1
<i>Schistochlamys ruficapillus</i>	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Neothraupis fasciata</i>	0,617	0,494	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,444	0,000	0,000	0,296	0,778	0,074	1
<i>Thlypopsis sordida</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Cypsnagra hirundinacea</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Tachyphonus rufus</i>	0,000	0,000	0,111	0,000	0,000	0,074	0,148	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Tachyphonus phoenicius</i>	0,247	0,444	0,148	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Ramphocelus carbo</i>	0,198	0,099	0,000	0,148	0,099	0,173	0,296	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Thraupis episcopus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	2
<i>Thraupis sayaca</i>	0,000	0,074	0,259	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	2
<i>Thraupis palmarum</i>	0,444	0,272	0,148	0,198	0,173	0,444	0,494	0,222	0,278	0,222	0,000	0,000	0,222	2
<i>Tangara cayana</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,185	1
<i>Dacnis cayana</i>	0,000	0,000	0,000	0,123	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	2
<i>Cyanerpes cyaneus</i>	0,000	0,000	0,000	0,123	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Hemithraupis guira</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3

Emberizidae

<i>Zonotrichia capensis</i>	0,000	0,000	0,000	0,148	0,000	0,000	0,296	0,185	0,333	0,185	0,296	0,593	0,630	1
<i>Ammodramus humeralis</i>	0,864	0,691	0,000	0,000	0,420	0,617	1,333	0,556	0,444	0,185	0,370	0,481	0,519	1
<i>Porphyrospiza caerulescens</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,074	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Sicalis citrina</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,148	0,056	0,000	0,037	0,000	0,000	1
<i>Sicalis flaveola</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Emberizoides herbicola</i>	0,741	0,000	0,000	0,000	0,296	0,000	0,864	0,222	0,278	0,111	0,000	0,630	0,185	1
<i>Volatinia jacarina</i>	0,296	0,444	0,000	0,864	0,148	0,000	3,012	0,222	0,167	0,741	3,148	0,556	0,481	1
<i>Sporophila plumbea</i>	0,173	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Sporophila nigricollis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,222	1
<i>Sporophila angolensis</i>	0,000	0,000	0,000	0,395	0,494	0,000	0,765	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Charitospiza eucosma</i>	0,370	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1
<i>Coryphospingus cucullatus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,167	0,000	0,000	0,000	0,000	2
Cardinalidae														
<i>Saltator grossus</i>	0,000	0,000	0,074	0,148	0,000	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Saltator maximus</i>	0,000	0,000	0,000	0,198	0,000	0,099	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Saltator atricollis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,556	0,389	0,000	0,222	0,481	0,481	1

Parulidae														
<i>Basileuterus culicivorus</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,037	3
<i>Basileuterus flaveolus</i>	0,123	0,099	0,148	0,321	0,099	0,099	0,148	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,185	3
Icteridae														
<i>Psarocolius decumanus</i>	0,395	0,000	0,000	0,346	0,395	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	3
<i>Icterus cayanensis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,111	2
<i>Gnorimopsar chopi</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,556	1,111	1,815	0,000	0,111	0,148	1
<i>Pseudoleistes guirahuro</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,333	0,000	0,000	0,000	1
<i>Molothrus bonariensis</i>	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,296	0,000	0,444	0,000	1
Fringillidae														
<i>Euphonia chlorotica</i>	0,099	0,000	0,148	0,049	0,049	0,049	0,099	0,000	0,056	0,000	0,000	0,000	0,074	2

¹Valores se referem ao número total de indivíduos registrados pelo número total (em horas) que cada fragmento foi amostrado;

²Seqüência taxonômica de acordo com Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos (CBRO 2006).

³Categorias de dependência das espécies acerca de habitats florestais, de acordo com Silva (1995b). 1 = independentes, 2 = semidependentes e 3 = espécies dependentes de floresta.

Capítulo III – Estrutura genética de populações de *Formicivora rufa* e *F. grisea* (Aves: *Thamnophilidae*) em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado

1. Introdução

O Cerrado, ou domínio morfoclimático dos Cerrados (Ab'Saber 1977), é o segundo maior bioma da América do Sul. Originalmente, este ocupava entre 1,8 e 2,0 milhões de km² (Machado et al. 2004) principalmente da porção central do Brasil, abrangendo ainda pequenas porções do nordeste do Paraguai e leste da Bolívia. É um bioma de elevada biodiversidade, que contém mais de 10.000 espécies de plantas, 161 de mamíferos, 837 de aves, 120 de répteis e 150 de anfíbios (Myers et al. 2000). Adicionalmente, uma porção significativa de sua biota é composta de espécies endêmicas: estima-se que estas correspondam a 44% das plantas (Myers et al. 2000), número que pode ser superior a 70% em alguns grupos, como espécies da família Velloziaceae associadas aos campos rupestres (Filgueiras 2002). No caso dos répteis, o nível de endemismo pode chegar a 38% do total de espécies (Colli et al. 2002). Porém, o Cerrado encontra-se sobre forte pressão antrópica: de toda sua vasta área geográfica original, estima-se que apenas 34,2% permaneçam inalterados atualmente (Machado et al. 2004), como resultado de um período de pouco mais de 50 anos de ocupação humana em larga escala. Mantidas as atuais taxas de desmatamento do bioma, em torno de 1,1% ao ano, Machado et al. (2004) concluíram que este terá desaparecido completamente no ano de 2030. Estas características, i.e., elevada diversidade biológica e de endemismos, associadas à drástica perda da vegetação original em um curto período de tempo devido à ação antrópica, levaram à classificação do Cerrado como um dos 34 *hotspots* terrestres mundiais (Mittermeier et al. 2004), e também como a maior, mais rica e provavelmente mais ameaçada região de savanas tropicais do mundo (Silva & Bates 2002).

Além da perda de habitats *per se*, o desmatamento do Cerrado dá origem a paisagens bastante fragmentadas, o que pode ocasionar a perda de conectividade em metapopulações (sensu Hanski & Gilpin 1991) e a interrupção da dispersão dos indivíduos

que a compõem, provocando a desestabilização destas (Hansson 1991). A perda de conectividade pode trazer também consequências genéticas para as populações de ambientes fragmentados. Predições iniciais sobre as consequências genéticas da fragmentação enfocavam a redução no tamanho e o maior isolamento espacial das populações em remanescentes de habitats (e.g. Young et al. 1993). Teoricamente, estas mudanças levam a uma perda acentuada da variabilidade genética e a um aumento da divergência genética interpopulacional, devido a: 1) efeitos de gargalo-de-garrafa (*bottlenecks*), 2) aumento da deriva genética, 3) depressão por endocruzamento, 4) fluxo gênico interpopulacional reduzido, e 5) aumento da probabilidade de extinções locais de demes em uma metapopulação (Gilpin 1991; Young et al. 1996).

Estes efeitos têm sérias implicações para a persistência das espécies. Em curto prazo, a perda de heterozigosidade pode levar à diminuição do valor adaptativo e diminuir a viabilidade das populações remanescentes. Em longo prazo, a reduzida riqueza de alelos pode limitar a capacidade das espécies responderem a mudanças nas pressões de seleção (Frankel et al. 1995). Contudo, resultados de estudos recentes sugerem que, enquanto a variabilidade genética pode de fato decrescer devido à redução do tamanho da população remanescente, nem todos os eventos de fragmentação levam a perdas genéticas (e.g., Galbusera et al. 2004), embora possam ocorrer mudanças, por exemplo, na distribuição dos alelos investigados (e.g., Bates 2002).

Até o momento poucos trabalhos investigaram os efeitos da fragmentação de habitats sobre a avifauna do Cerrado. Estes abordaram principalmente alterações de parâmetros relativos à estrutura e composição das taxocenoses, tais como abundância e riqueza de espécies nos fragmentos (e.g., Machado 2000; Marini 2001; Tubelis et al. 2004), mas aparentemente há um único estudo sobre os efeitos da fragmentação na diversidade genética de populações de aves (Ferreira 2001), cujos resultados permanecem

não publicados. Mesmo a caracterização da diversidade genética da avifauna do Cerrado ainda é virtualmente inexistente, o que levou Bates et al. (2003) a afirmarem que os dados incluídos em seu trabalho representavam os primeiros para aves do bioma, há pouco mais de dois anos. Portanto, a diversidade genética da avifauna do Cerrado pode estar sendo perdida sem que ao menos tenha sido conhecida, o que provavelmente se aplica também aos demais grupos biológicos.

Os objetivos do presente trabalho foram avaliar: 1) a variabilidade genética de populações de *Formicivora rufa* e *F. grisea*, aves passeriformes da família *Thamnophilidae*, presentes em fragmentos naturais de Cerrado; 2) se existe associação entre área dos fragmentos amostrais e variabilidade genética das populações destas espécies, e 3) se o processo de fragmentação natural de longo prazo do Cerrado, resultante de flutuações climáticas ocorridas há cerca de 3.000 anos, pode ter ocasionado a diferenciação genética de populações de *F. rufa*, presentes na área nuclear e em isolados naturais de tamanhos variados do Cerrado.

2. Métodos

2.1. Áreas de estudo

A área de estudos é composta de cinco isolados periféricos de Cerrado ao sul de Rondônia (Vanzolini 1986; Nascimento et al. 1988; Sanaiotti 1996), e ainda uma área contínua de Cerrado localizada no estado do Tocantins (TO-1; Figura 1, Tabela 1). Os isolados periféricos localizam-se nos Municípios de Vilhena (fragmento RO-1) e Pimenta Bueno (fragmentos RO-2 a RO-5; Figura 1, Tabela 1), no limite noroeste da distribuição do bioma Cerrado, já em sua zona de transição com a Amazônia. Evidências obtidas a partir da datação de isótopos de C presentes na matéria orgânica de sedimentos da divisa dos estados do Amazonas e Rondônia indicam que naquela região o Cerrado sofreu uma

expansão durante um período climático seco, ocorrido entre 9.000 e 3.000 anos atrás. Posteriormente, o clima voltou a tornar-se mais úmido, propiciando a volta da expansão da floresta e dando origem aos isolados naturais de Cerrado presentes ainda hoje naquela região (Freitas et al. 2001). Assim, acredita-se que as áreas de estudo de Rondônia tenham permanecido isoladas durante pelo menos 3.000 anos. Os fragmentos amostrais de Rondônia encontram-se inseridos em uma matriz em que predominam áreas de florestas úmidas amazônicas, geralmente já exploradas para a extração de madeira, e pastagens onde ocorre a criação de gado de forma extensiva, originadas a partir da conversão de florestas. A área de cada fragmento amostrado variou de 873,36 ha (RO-4) a 7.481,71 ha (RO-5; Tabela 1). A área amostral do Tocantins (TO-1), por sua vez, é uma área contínua (sensu Machado 2000), isto é, uma área nativa que se encontra imersa no mosaico de Cerrado, possuindo uma relação direta com os ambientes naturais vizinhos. Esta localiza-se no município de Dianópolis, no Vale do rio Paranã próximo à divisa com o estado da Bahia (Figura 1, Tabela 1), em uma região de 334.013,90 ha onde se encontram diversas fitofisionomias de Cerrado, tanto abertas quanto florestais (revisão das fitofisionomias de Cerrado em Ribeiro & Walter 1998). Dado o seu bom estado geral de conservação e ainda as intensas pressões antrópicas que o bioma como um todo vem sofrendo (Machado et al. 2004), esta região é considerada de prioridade “extremamente alta” para a conservação do Cerrado (área CP-473, na avaliação realizada por MMA/PROBIO 2003). Portanto, as amostras de *F. rufa* obtidas na área TO-1 foram utilizadas como controle em relação à diferenciação genética das populações desta espécie, presentes nos fragmentos de Rondônia.

2.2. Espécies estudadas

Formicivora rufa e *F. grisea* são aves passeriformes da família Thamnophilidae e, em ambas, os indivíduos costumam ser encontrados aos pares (Ridgely & Tudor 1994). Estas foram escolhidas pelo fato de serem abundantes em todas as áreas amostrais (observação pessoal), facilmente identificáveis pela vocalização e responderem a *playbacks*, o que tornou mais fácil sua captura. *F. rufa* ocorre em enclaves de vegetação aberta na Amazônia (do Amapá para oeste até o baixo rio Tapajós, nos arredores de Santarém, e em Humaitá, no rio Madeira), mas tem como área nuclear de sua distribuição a porção central do Brasil, desde os Estados do Maranhão e Piauí em direção sul até Minas Gerais, São Paulo e Mato Grosso do Sul. Além do Brasil, a espécie ocorre em áreas esparsas no Paraguai, Bolívia e no Peru (Ridgely & Tudor 1994). Habita o estrato baixo de áreas com moitas esparsas, campos de gramíneas sujeitos a inundações periódicas, capoeiras densas, em estágio inicial de sucessão e campinas (Stotz et al. 1996). É uma espécie independente de áreas florestais, ocorrendo em vegetações abertas (Silva 1995b).

F. grisea, por sua vez, é a espécie com mais ampla distribuição do gênero. Ocorre no Panamá, Trinidad e Tobago, Colômbia, Venezuela, Guianas, Bolívia e Brasil. Neste último ocorre em uma ampla região, que abrange a Amazônia (tanto ao norte, apenas no Amapá, quanto ao sul do rio Amazonas, localmente desde o rio Madeira em direção ao sul até o Mato Grosso), estendendo-se ainda a Goiás, para nordeste até o Rio Grande do Norte e ao sudeste até o Rio de Janeiro (Ridgely & Tudor 1994). Habita os estratos inferior e médio de florestas tropicais decíduas, capoeiras, matas de galeria e campinas (Stotz et al. 1996). É uma espécie semi-dependente de florestas (sensu Silva 1995b), isto é, ocorre em áreas de vegetação aberta e floresta.

2.3. Coleta de amostras

Todos os espécimes coletados nos fragmentos de Rondônia foram obtidos em uma expedição de campo realizada em maio de 2002, com duração de 28 dias. Já os quatro espécimes da área contínua TO-1 foram obtidos em uma expedição de 12 dias de campo ao município de Dianópolis, realizada em setembro de 2003. Em ambos os casos, a captura dos espécimes foi realizada utilizando-se 20 redes-de-neblina de 12,5 x 12m e 36 mm de malha, abertas simultaneamente por 3 dias consecutivos em cada área amostral.

Adicionalmente, foram feitas coletas com arma de fogo, de modo a aumentar o tamanho amostral em cada área. As coletas foram autorizadas pelo Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) por meio das licenças de número 183/2001–DIFAS/DIREC e 053/2002-CGFAU/LIC, e o acesso às amostras de DNA foi autorizado pelo Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (MMA/CGEN AS-PCt nº 12/2003, deliberação nº 36, publicada no Diário Oficial da União em 14/08/2003, seção 1, pág. 78). Os exemplares foram taxidermizados ainda em campo e encontram-se depositados na Coleção Ornitológica Marcelo Bagno, da Universidade de Brasília (COMB-UnB).

Nos fragmentos de Rondônia foram obtidos 22 indivíduos de *F. rufa* e 19 indivíduos de *F. grisea* no total, em números variáveis de espécimes para cada área estudada. A única exceção foi o fragmento RO-2, onde não foi possível coletar *F. rufa*. Já na área contínua TO-1 foram obtidas quatro amostras, apenas de *F. rufa* (Tabela 1).

De cada espécime coletado foram obtidas amostras de fígado e músculo peitoral, acondicionadas individualmente em eppendorfs contendo etanol absoluto P.A. como conservante. De modo a evitar a evaporação do álcool e, portanto, a deterioração das amostras de tecido, as tampas dos eppendorfs foram lacradas com filme plástico. As amostras foram posteriormente transferidas para o Laboratório de Polimorfismo de DNA,

da Universidade Federal do Pará (UFPA/LPDNA), onde foram realizadas as análises de DNA.

2.4. Isolamento do DNA, amplificação e seqüenciamento

O DNA de cada amostra, aproximadamente 5 mg de músculo peitoral, foi isolado por digestão enzimática usando Proteínase K (10 mg/ml), extraído com fenol-clorofórmio e precipitado com etanol, seguindo procedimentos padrões (Sambrook et al. 1989).

A análise da variabilidade e diferenciação genética de populações de *F. rufa* e *F. grisea* baseou-se no seqüenciamento completo dos genes mitocondriais Citocromo b (Cit b) e da subunidade 2 da NADH desidrogenase (ND2). Os fragmentos foram amplificados via reação em cadeia da polimerase (Polymerase Chain Reaction - PCR) utilizando-se os seguintes pares de iniciadores: L14841 (5'-AAA AAG CTT CCA TCC AAC ATC TCA GCA TGA TGA AA-3', Kocher et al. 1989) e H15915 (5'-AAC TGC AGT CAT CTC CGG TTT ACA AGA C -3', Edwards et al. 1991), para Cit b, e L5215 (5'-TAT CGG GCC CAT ACC CCG AAA AT-3', Hackett 1996) e H6313 (5'-CTC TTA TTT AAG GCT TTG AAG GC-3', Johnson & Sorenson 1998), para ND2, onde "H" e "L" referem-se, respectivamente, aos iniciadores localizados nas fitas pesada (*heavy*) e leve (*light*) do DNA mitocondrial.

As reações de amplificação para ambos os genes ocorreram em volumes de 50 µl contendo 10 ng de DNA, 50 mM KCL, 1,5 mM MgCl₂, 10 mM Tris-HCL, 50 µM de cada DNTP, 0,5 µM de cada oligonucleotídeo e uma unidade de Taq DNA polimerase (Invitrogen). O perfil de amplificação para o gene Citocromo b foi como se segue: 4 minutos a 94°C para desnaturação, seguidos de 30 ciclos de 1 minuto a 94°C para desnaturação, 1 minuto a 50°C para hibridação, 1 minuto a 72°C para extensão e um ciclo final de 5 minutos a 72°C para assegurar completa extensão dos produtos da PCR. À

exceção da temperatura de hibridação, alterada para 55°C, este foi também o perfil para amplificação de ND2.

Os produtos das amplificações foram seqüenciados no analisador automático de DNA MegaBACE™ 1000 (GE Healthcare) usando o DYEnamic™ ET Dye Terminator Kit (GE Healthcare) de acordo com as especificações do fabricante. As seqüências nucleotídicas foram editadas e alinhadas visualmente no programa BioEdit (Hall 1999).

As seqüências nucleotídicas de ambas as espécies de *Formicivora* foram editadas para conter apenas a porção codificante dos genes Citocromo b e ND2, de modo a facilitar suas traduções em seqüências de aminoácidos. Esta análise, realizada no programa DnaSP 3.53 (Rozas & Rozas 1999), foi utilizada para investigar a amplificação de cópias nucleares semelhantes a DNA mitocondrial – *numts* (Quinn 1997), baseado no fato de que estes geralmente apresentam códons prematuros de parada, para a tradução, nas cópias de seqüências mitocondriais inseridas no núcleo.

2.5. Análises estatísticas

As distâncias p não corrigidas entre pares de seqüências nucleotídicas foram estimadas utilizando-se o aplicativo PAUP 4.0b8 (Swofford 1998). As médias aritméticas e erros padrões destas distâncias foram calculadas de três formas distintas: a) para cada área amostral, b) para todos os fragmentos de Rondônia (RO-1 a RO-5) combinados, e c) para todas as áreas amostrais combinadas (RO-1 a 5 e TO-1). As análises “a” e “b” visavam à comparação dos fragmentos de Rondônia com a área amostral TO-1, enquanto a análise “c” foi realizada para caracterizar os níveis de distância intraespecíficos. Para *F. grisea* foram realizadas apenas as análises “a” e “b”, devido à falta de amostras relativas à área controle TO-1. As médias e desvios padrões foram obtidos por meio do aplicativo BioEstat 3.0 (Ayres et al. 2003).

Estimativas das taxas de transições-transversões (TI:TV ratios) entre seqüências nucleotídicas são importantes para a compreensão do processo de evolução molecular *per se*, e ainda por serem utilizadas na modelagem de processos evolutivos que atuaram nas seqüências sob consideração (Strandberg & Salter 2004). Portanto, estimamos as taxas de TI:TV para cada gene em ambas as espécies, utilizando o aplicativo PAUP 4.0b8 (Swofford 1998) e tendo como parâmetro as distâncias p. Posteriormente, foi tirada uma média aritmética entre todas as taxas de TI:TV, que é uma estimativa gerada para cada par de seqüências nucleotídicas alinhadas, de modo a obter-se uma única estimativa para cada conjunto de dados (Strandberg & Salter 2004).

A variabilidade genética intrapopulacional foi estimada por meio dos níveis de diversidade nucleotídica (π) e de haplótipos (h), calculados utilizando-se o aplicativo Arlequin (Schneider et al. 2000). Para avaliar se havia associação entre o tamanho das áreas amostrais e diversidade nucleotídica (π), entre área e diversidade haplotípica (h) ou mesmo entre estas variáveis, utilizou-se o coeficiente de correlação não-paramétrico de Spearman (r_s). Adicionalmente, foram realizados testes t para investigar se havia diferenças nas médias das diversidades nucleotídicas (π) de *F. rufa* e *F. grisea*. Os testes t foram realizados de duas formas distintas: 1) incluindo todas as áreas amostrais, ou seja, também a área contínua TO-1 para *F. rufa*, e 2) excluindo-se esta área amostral, de modo a comparar apenas as médias das diversidades nucleotídicas das populações nos fragmentos. Estas análises e a busca de correlações entre as variáveis foram realizadas utilizando-se o pacote estatístico SAS (SAS-Institute 2000). As diferenciações genéticas interpopulacionais resultantes do processo de fragmentação foram avaliadas por meio de análises de bootstrap com 10.000 repetições, empregando-se o método de evolução mínima e o tendo como parâmetro de comparação entre as seqüências as distâncias p. Para tanto, foi utilizado o aplicativo MEGA versão 3.1 (Kumar et al. 2004). Adicionalmente, foram

construídas redes de haplótipos com o método “median joining” (Bandelt et al. 1999) para cada marcador e cada espécie estudada, por meio do aplicativo Network versão 4.1.1.2 (Fluxus 2004), de modo a investigar a distribuição destes nas populações estudadas.

3. Resultados

O gene Citocromo b apresentou um comprimento de 999 sítios nucleotídicos em ambas as espécies (Anexos 1 e 3), dos quais 21 foram variáveis para as seqüências de *F. rufa* (Tabela 2) e 8 para *F. grisea* (Tabela 3). As médias das proporções de transições-transversões (TI:TV ratios) para o gene Citocromo b foram de 2,44 para *F. rufa* e 0,48 para *F. grisea*. O gene ND2, por sua vez, apresentou um comprimento total de 1041 sítios nucleotídicos (Anexos 2 e 4), dos quais 17 foram variáveis nas amostras de *F. rufa* (Tabela 4) e 14 para *F. grisea* (Tabela 5). As médias das proporções de transições-transversões para o gene ND2 foram de 2,18 para *F. rufa* e 1,14 para *F. grisea*. Não foram encontrados códons prematuros de parada, indicando não ter ocorrido a amplificação de cópias nucleares semelhantes a DNA mitocondrial – *numts* (Quinn 1997).

Foram obtidas 25 seqüências de Citocromo b para *F. rufa* e 18 para *F. grisea*, as quais resultaram em 14 e 7 haplótipos para estas espécies, respectivamente (Tabelas 1, 2 e 3). Para o gene ND2 foram obtidas 21 seqüências para *F. rufa* e 16 para *F. grisea*, que resultaram em 13 haplótipos para cada uma das espécies estudadas (Tabelas 1, 4 e 5).

As médias das distâncias pareadas (p), que indicam a divergência entre pares de seqüências, foram baixas para ambos os genes em todas as áreas amostrais. Para o gene Citocromo b, em *F. rufa* os valores de p variaram de 0,10% (RO-5) a 0,28% (RO-4), ante 0,45% na área TO-1 (Tabela 6). Para *F. grisea*, por sua vez, os valores de p variaram entre 0,04% (RO-3) e 0,07% (RO-2; Tabela 7). Quanto ao gene ND2, as médias das distâncias

em *F. rufa* variaram de 0,00% (RO-5) a 0,34% (RO-3), ante 0,19% na área TO-1 (Tabela 6); para *F. grisea* os valores de p variaram entre 0,14% (RO-3) e 0,32% (RO-2; Tabela 7).

A comparação entre os genes, por meio da combinação das seqüências obtidas em fragmentos distintos para cada uma das espécies, evidenciou que para *F. rufa* as médias das distâncias pareadas de seqüências de obtidas para Citocromo b e ND2 foram iguais (0,20% cada), mas apenas quando a área TO-1 foi excluída da análise. Quando esta área foi incluída, houve uma elevação nas médias das distâncias pareadas de ambos os genes, porém a comparação direta de ambos revelou valores ainda bastante próximos (0,34% para Citocromo b, 0,33% para ND2). Para *F. grisea*, por sua vez, a média das distâncias de ND2 (0,22%) foram o dobro daquela obtida para Citocromo b (0,11%; Tabelas 6 e 7).

Analisando-se separadamente os dados obtidos para cada fragmento, porém, observa-se que para *F. rufa* em algumas áreas amostrais (RO-4, RO-5 e TO-1) o Citocromo b apresentou-se mais variável que ND2, enquanto em outras (RO-1 e RO-3) ocorreu o inverso (Tabela 6). Para *F. grisea*, por sua vez, o gene ND2 apresentou-se mais variável que o Citocromo b em todos os fragmentos amostrais (Tabela 7).

A diversidade nucleotídica (π) do Citocromo b em *F. rufa* variou em Rondônia de 0,10% (RO-5) a 0,28% (RO-4), ante 0,45% na área TO-1. Para *F. grisea*, por sua vez, excluindo-se o fragmento RO-1 (onde havia sido obtida apenas uma seqüência do gene Cit b), a variação de π esteve entre 0,04% (RO-4) e a 0,20% (RO-3). Para o gene ND2, por sua vez, a diversidade nucleotídica em *F. rufa* nos fragmentos variou de 0,00% (RO-5) a 0,34% (RO-3), contra 0,19% na área controle TO-1; para *F. grisea* este índice variou de 0,14% (RO-3) a 0,32% (RO-2; Tabela 8).

No que se refere à diversidade haplotípica (h), os valores obtidos para o gene Citocromo b nas amostras populacionais de *F. rufa* de Rondônia variaram de 0,70 (RO-1) a 1,00 (RO-4), ante 1,00 obtido para a área TO-1, enquanto para *F. grisea* os valores de h

variaram de 0,40 (RO-4) a 1,00 (RO-1) nas áreas amostrais de Rondônia. O gene ND2 apresentou a seguinte variação: 0,00 (RO-5) a 1,00 (RO-1, RO-3 e RO-4), ante 0,83 para TO-1, para *F. rufa*; 0,83 (RO-3) a 1,00 (RO-1, RO-2, RO-4 e RO-5), para *F. grisea* (Tabela 8).

A análise de seqüências de Citocromo b e ND2 combinadas evidenciou uma reduzida diversidade nucleotídica associada a uma elevada diversidade haplotípica para ambas as espécies de *Formicivora* (Tabela 8). De maneira geral, esta elevada diversidade haplotípica se deve ao grande número de seqüências que diferem por 1 a 9 nucleótidos para *F. rufa* (Tabelas 2 e 4) e de 1 a 3 nucleotídeos para *F. grisea* (Tabelas 3 e 5).

As árvores de consenso resultantes das análises de bootstrap para *F. rufa* resultaram em clados com muitas politomias e, em geral, baixo grau de suporte, tanto para o gene Citocromo b quanto ND2 (Figura 2). Porém, o gene Citocromo b evidenciou uma clara separação, com alto grau de suporte (94% das tipologias geradas), entre o clado formado pelas amostras do Tocantins e um grande clado abrangendo todas as amostras obtidas em Rondônia (Figura 2). O gene ND2, por sua vez, evidenciou a separação em dois clados com ainda mais elevado grau de suporte (98% das tipologias), mas na qual o clado contendo as seqüências do Tocantins continham também a presença de uma amostra do fragmento RO-3 (Figura 2).

A rede de haplótipos de *F. rufa* também gerou uma separação das seqüências nucleotídicas investigadas em dois grandes grupos, sendo um primeiro formado pelas populações dos fragmentos de Rondônia e outro pela população de Tocantins (Figura 4). Para o gene Citocromo b, além dos quatro haplótipos obtidos nas quatro seqüências de DNA obtidas no Tocantins, outros cinco haplótipos estariam faltando em sua conexão com populações de Rondônia. Adicionalmente, nenhum dos haplótipos presentes nos fragmentos de Rondônia foi amostrado no Tocantins, ou vice-versa. O gene ND2, por sua

vez, apresentou uma resposta um pouco diferente, novamente devido à maior proximidade de um dos haplótipos de Rondônia (haplótipo M) com aqueles do Tocantins (Figura 4).

Para *F. grisea*, por sua vez, as árvores de consenso das análises de bootstrap resultaram em clados ainda mais politômicos e baixo grau de suporte, para ambos os genes (Figura 3). As redes de haplótipos de ambos os genes para *F. rufa* também não evidenciaram uma clara separação de populações nos fragmentos de Rondônia (Figura 5).

Não foram observadas correlações entre tamanho da área amostral e diversidade nucleotídica ou entre área e diversidade haplotípica para ambos os genes e ambas as espécies estudadas (Tabelas 9 e 10). Porém, algumas variáveis apresentaram-se correlacionadas nas duas espécies, a saber: a) *F. rufa*: diversidade nucleotídica do Citocromo b e das seqüências combinadas ($r_s = 0,90$, $p = 0,037$); diversidade nucleotídica e distâncias pareadas do Citocromo b ($r_s = 1,00$, $p < 0,0001$); diversidade nucleotídica e distâncias pareadas do ND2 ($r_s = 1,00$, $p < 0,0001$; Tabela 9); b) *F. grisea*: diversidade nucleotídica e diversidade haplotípica do Citocromo b ($r_s = 1,00$, $p < 0,0001$; Tabela 10).

A média das diversidades nucleotídicas do gene Citocromo b para *F. rufa* foi maior que aquela apresentada pelas populações de *F. grisea*, mas apenas quando a área amostral TO-1, para onde não foram obtidas amostras de *F. grisea*, foi incluída na análise ($t_{\text{calc}} = 1,947$, $GL = 7$, $p = 0,0462$, média *F. rufa* = 0,0024, variância *F. rufa* = 0,0000; média *F. grisea* = 0,0009, variância *F. grisea* = 0,0000). Excluindo-se esta área da análise, não houve diferença significativa entre as médias das diversidades nucleotídicas do gene Citocromo b de *F. rufa* e *F. grisea* ($t_{\text{calc}} = 1,7927$, $GL = 6$, $p = 0,0616$, média *F. rufa* = 0,0019, variância *F. rufa* = 0,0000; média *F. grisea* = 0,0009, variância *F. grisea* = 0,0000). O gene ND2, por sua vez, não apresentou diferenças quanto à média das diversidades nucleotídicas de populações de *F. rufa* e *F. grisea*, quer incluindo-se a área contínua TO-1 ($t_{\text{calc}} = -0,3039$, $GL = 8$, $p = 0,3845$, média *F. rufa* = 0,0019, variância *F.*

rufa = 0,0000; média *F. grisea* = 0,0021, variância *F. grisea* = 0,0000), quer quando esta foi removida da análise ($t_{\text{calc}} = 0,2814$, GL = 7, $p = 0,3933$, média *F. rufa* = 0,0019, variância *F. rufa* = 0,0000; média *F. grisea* = 0,0021, variância *F. grisea* = 0,0000). Estes resultados, porém, devem ser interpretados com cuidado, devido ao nosso baixo n amostral.

4. Discussão

4.1. Diversidade genética intrapopulacional

No presente trabalho foram geradas as primeiras seqüências completas dos genes mitocondriais Citocromo b e ND2 para *F. grisea* e de ND2 de *F. rufa*. Os níveis de divergência entre as seqüências pareadas deste estudo foram semelhantes àqueles observados por Bates et al. (2003), que analisaram seqüências parciais destes mesmos genes (586 e 408 sítios nucleotídicos, respectivamente para ND2 e Citocromo b + espaçador + uma pequena porção do RNA transportador da treonina) em dez espécies de aves de Cerrado. Dentre estas dez espécies, havia quatro amostras de *F. rufa* do estado do Amapá e duas do Departamento de Santa Cruz, na Bolívia. Isto indica que, para a análise da diversidade genética de aves do Cerrado, o seqüenciamento parcial dos genes Citocromo b e ND2 pode ser tão informativo quanto o seu seqüenciamento completo.

De modo geral, os níveis de distâncias p obtidos seguiram o mesmo padrão de baixos níveis de divergência genética observado por Bates et al. (2003) em populações distantes cerca de 2.300 km em linha reta (ou mais, se considerado o contexto biogeográfico da ligação pretérita das savanas amazônicas Silva 1995a). Isso reforça a observação daqueles autores de que as aves do Cerrado apresentam baixos níveis de divergência genética, quando comparados àqueles observados entre populações de aves de

sub-bosque amazônicas (Aleixo 2002; Bates 2002; Marks et al. 2002), onde mesmo populações presentes em margens opostas de rios com apenas 200 a 400 m de largura podem exibir níveis de divergência genética de até 6% (Bates et al. 2003).

Bates et al. (2003) observaram que os níveis de divergência para o Citocromo b e ND2 separadamente exibiram padrões bastante consistentes com níveis de divergência dos dois genes combinados. Nossos resultados concordaram com este padrão, sobretudo quando a área TO-1 foi excluída da análise, embora nenhum dos valores que obtivemos tenha ultrapassado 0,45% (*F. rufa*, gene Citocromo b, TO-1), ao passo que os mencionados autores obtiveram níveis de divergência que superaram 2% para duas espécies. Porém, nossa análise revelou uma elevada correlação entre as divergências genéticas (distâncias p) e diversidade nucleotídica dos genes combinados para *Formicivora rufa*, o que explica a concordância entre os resultados obtidos para esta espécie.

No estudo de Bates et al. (2003) o gene ND2 mostrou-se comumente mais informativo que o Citocromo b, na medida em que apresentou níveis mais altos de divergência em todas as espécies ao se comparar populações do Amapá e Bolívia, excetuando-se *Cypsnagra hirundinacea* e *Turdus leucomelas*. Este padrão repetiu-se em nosso estudo para *F. grisea*, porém não para *F. rufa*, onde cada um destes genes apresentou-se mais variável em parte dos fragmentos. Para *F. rufa*, contudo, os cinco indivíduos amostrados na área RO-5 apresentaram um único haplótipo para todas as seqüências de ND2, enquanto para o gene Citocromo b os três haplótipos encontrados divergiram por apenas duas mutações. Nessa população, é possível que quatro dos cinco indivíduos façam parte de dois grupos familiares com linhagens mitocondriais ligeiramente distintas. De três deles, coletados na mesma localidade e no mesmo dia, um apresentou o haplótipo A e dois o haplótipo C, que diferem apenas por uma transição do tipo T ↔ C na posição 453. Os outros dois indivíduos amostrais desta população, coletados dois dias

depois em um outro local do fragmento, apresentaram ambos o haplótipo B, que difere do A pela presença da mesma transição da posição 453 e por uma transversão do tipo C ↔ A na posição 943 (Tabela 2, Figuras 2 e 4).

4.2. Efeitos da fragmentação na estrutura genética

Segundo Bates et al. (2003), a baixa diferenciação genética entre populações de aves do Cerrado indica que as mesmas condições paleoecológicas que permitiram o intercâmbio de espécies entre a Amazônia e a Floresta Atlântica não isolaram as populações de aves estudadas por aqueles autores. Ainda, isto teria ocorrido devido a duas possibilidades não mutuamente exclusivas: (1) os corredores de floresta nunca teriam sido muito extensos ou completamente contínuos, de modo que aves de áreas abertas têm mantido níveis mais altos de fluxo gênico do que aquelas aves de sub-bosque de florestas; (2) a distribuição histórica do Cerrado seria muito mais limitada, talvez restrita à porção central de sua distribuição atual, tornando o fluxo gênico possível. Neste contexto, as aves de ambientes abertos que habitam os Cerrados do Amapá podem ser o resultado de uma expansão mais recente da área nuclear do bioma, cuja conexão teria sido por meio de savanas ao longo da costa Atlântica (Silva 1995a; Silva et al. 1997; Silva & Bates 2002).

Porém, a formação de dois clados distintos com elevado grau de suporte em *Formicivora rufa* para ambos os marcadores moleculares avaliados são um indicativo de diferenciação genética entre a população do Tocantins e aquelas presentes em Rondônia, em resposta ao isolamento geográfico de longo prazo, em termos genéticos, entre estas regiões. O mesmo evidenciado pela rede de haplótipos, que indicou uma mais elevada frequência haplotípica em Tocantins, onde cada seqüência estudada revelou-se um haplótipo distinto e onde muitos haplótipos estariam faltando. Respostas conclusivas sobre a evolução do Cerrado com base em marcadores moleculares, porém, só serão obtidas por

meio de análises baseadas em um grande número de seqüências nucleotídicas, obtidas de populações espalhadas por diversos pontos do bioma.

Apesar das diferenças nas preferências de hábitat de *F. rufa* (independente de floresta) e *F. grisea* (semidependente de floresta), não houve diferenças nas médias de diversidades nucleotídicas do gene Citocromo b apresentadas por estas espécies nos fragmentos de Rondônia. Adicionalmente, as análises de bootstrap não evidenciaram, nos fragmentos de Rondônia, a formação de clados bem resolvidos e com elevado grau de suporte, para ambas as espécies. O mesmo padrão foi obtido com a construção das redes de haplótipos para ambas as espécies, que evidenciaram uma distribuição dos haplótipos em diversos fragmentos. Estes fatos são um indicativo de que, no contexto regional de Rondônia, a matriz de habitats não está sendo uma barreira efetiva para a dispersão destas espécies entre os fragmentos.

Estes resultados contrastam com aqueles obtidos por Wiederhecker (2004) que, com base no seqüenciamento do Citocromo b, encontrou estruturação de populações dos lagartos *Ameiva ameiva*, *Tropidurus itambere* e *Tropidurus sp* nos mesmos fragmentos naturais de Cerrado de Rondônia (Guajará-Mirim, Vilhena e Pimenta Bueno) e em fragmentos antrópicos na área nuclear do Cerrado (Paracatu).

Para as duas espécies de aves incluídas no presente trabalho não foram evidenciadas correlações entre tamanho dos fragmentos amostrais e diversidade genética intrapopulacional, revelados pela diversidade nucleotídica (π) e haplotípica (h). Este resultado é concordante com aqueles obtidos por Wiederhecker (2004) e contrastante com aquele obtido por Batista (2001), que encontrou uma forte correlação entre área e diversidade genética, porém apenas para os fragmentos naturais de Rondônia, onde fragmentos menores do que 1.000 ha apresentaram grande redução na diversidade genética total observada. Estas respostas variadas de grupos de organismos (aves, répteis, um

anfíbio) podem ser reflexo de distintas capacidades de dispersão ou diferentes taxas evolutivas, ou ainda de ambos.

5. Conclusões

- Para a análise da diversidade genética de aves do Cerrado, o seqüenciamento parcial dos genes Citocromo b e ND2 pode ser tão informativo quanto o seu seqüenciamento completo;

- Os resultados do presente estudo corroboram a afirmação de Bates et al. (2003) de que as aves do Cerrado apresentam baixos níveis de divergência genética, quando comparados àqueles observados entre populações de aves de sub-bosque amazônicas;

- A análise de bootstrap e a rede de haplótipos indicaram haver diferenciação genética entre a população de *Formicivora rufa* do Tocantins e aquelas presentes em Rondônia, em resposta ao isolamento geográfico de longo prazo entre estas regiões. Isso indica a importância da inclusão destas análises quando da avaliação da existência de diferenciações genéticas interpopulacionais;

- No contexto regional de Rondônia, o processo de fragmentação ainda não foi suficiente para ocasionar diferenciação genética das populações de aves estudadas, para ambas as espécies incluídas no presente estudo. Provavelmente isso se deve à pequena distância geográfica entre os fragmentos, o que tem permitido a manutenção de fluxo gênico.

6. Referências bibliográficas

- Ab'Saber, A. N. 1977. Os domínios morfoclimáticos da América do Sul. Primeira aproximação. *Geomorfologia* **52**:1-21.
- Aleixo, A. 2002. Molecular systematics and the role of the "várzea"- "terra-firme" ecotone in the diversification of Xiphorhynchus woodcreepers (Aves: Dendrocolaptidae). *Auk* **119**:621-640.
- Ayres, M., M. Ayres Jr., D. L. Ayres, and A. S. dos Santos 2003. *BioEstat 3.0: aplicações estatísticas nas áreas das ciências biológicas e médicas*. Sociedade Civil Mamirauá, Belém, Pará.
- Bandelt, H.-J., P. Forster, and A. Röhl. 1999. Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution* **16**:37-48.
- Bates, J. M. 2002. The genetic effects of forest fragmentation on five species of Amazonian birds. *Journal of Avian Biology* **33**:276-294.
- Bates, J. M., J. G. Tello, and J. M. C. Silva. 2003. Initial assessment of genetic diversity in ten bird species of South American Cerrado. *Studies on Neotropical Fauna and Environment* **38**:87-94.
- Batista, C. G. 2001. Estrutura genética populacional de *Physalaemus cuvieri* Fitzinger, 1826 (Lisamphibia: Leptodactilidae) em fragmentos antrópicos e naturais de Cerrado. Page 38. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Colli, G. R., R. P. Bastos, and A. F. B. Araújo. 2002. The character and dynamics of the Cerrado Herpetofauna. Pages 223-241 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova York.

- Edwards, S. V., P. Arctander, and A. C. Wilson. 1991. Mitochondrial resolution of a deep branch in the genealogical tree for perching birds. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* **243**:99-107.
- Ferreira, A. A. 2001. Fragmentação de matas de galeria e diversidade genética de *Antilophia galeata* (Aves; Pipridae) no Planalto Central. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Filgueiras, T. S. 2002. Herbaceous plant communities. Pages 122-139 in P. S. Oliveira, and R. J. Marquis, editors. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, Nova York.
- Fluxus. 2004. NETWORK 4.1.1.2. Fluxus Technology Ltd.
- Frankel, O. H., A. H. D. Brown, and J. J. Burdon 1995. *The Conservation of Plant Biodiversity*. Cambridge University Press.
- Freitas, H. A., L. C. R. Pessenda, R. Aravena, S. E. M. Gouveia, A. S. Ribeiro, and R. Boulet. 2001. Late Quaternary vegetation dynamics in the southern Amazon basin inferred from carbon isotopes in soil organic matter. *Quaternary Research* **55**:39-46.
- Galbusera, P., M. Githiru, and E. Matthysen. 2004. Genetic equilibrium despite habitat fragmentation in an Afrotropical bird. *Molecular Ecology* **13**:1409-1421.
- Gilpin, M. 1991. The genetic effective size of a metapopulation. *Biological Journal of the Linnean Society* **42**:165-177.
- Hackett, S. J. 1996. Molecular phylogenetics and biogeography of tanagers in the genus *Ramphocelus* (Aves). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **5**:368-382.
- Hall, T. A. 1999. BioEdit: A User-friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acids Symposium Series* **41**:95-98.

- Hanski, I., and M. E. Gilpin. 1991. Metapopulation dynamics: Brief history and conceptual domain. *Biological Journal of the Linnean Society* **42**:3-16.
- Hansson, L. 1991. Dispersal and connectivity in metapopulations. Pages 89-103 in M. E. Gilpin, and I. Hanski, editors. *Metapopulation Dynamics: Empirical and Theoretical Investigations*. Linnean Society of London and Academic Press, London.
- Johnson, K. P., and M. D. Sorenson. 1998. Comparing molecular evolution in two mitochondrial protein coding genes (Cytochrome b and ND2) in the dabbling ducks (Tribe: Anatini). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **10**:82-94.
- Kocher, T. D., W. K. Thomas, A. Meyer, S. V. Edwards, S. Paabo, and F. X. Villablanca. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **86**:6196-6200.
- Kumar, S., K. Tamura, and M. Nei. 2004. MEGA3: Integrated software for Molecular Evolutionary Genetics Analysis and sequence alignment. *Briefings in Bioinformatics* **5**:150-163.
- Machado, R. B. 2000. A fragmentação do Cerrado e efeitos sobre a avifauna da região de Brasília-DF. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Machado, R. B., M. B. Ramos Neto, P. G. P. Pereira, E. F. Caldas, D. A. Gonçalves, N. S. Santos, K. Tabor, and M. Steininger. 2004. Estimativas de perda da área do Cerrado brasileiro. *Conservação Internacional*, Brasília, DF.
- Marini, M. A. 2001. Effects of forest fragmentation on birds of the cerrado region, Brazil. *Bird Conservation International* **11**:13-25.
- Marks, B. D., S. J. Hackett, and A. P. Capparella. 2002. Historical relationships among Neotropical lowland forest areas of endemism as determined by mitochondrial

- DNA sequence variation within the Wedge-billed Woodcreeper (Aves : Dendrocolaptidae : *Glyphorynchus spirurus*). *Molecular Phylogenetics and Evolution* **24**:153-167.
- Mittermeier, R. A., P. R. Gil, M. Hoffmann, J. Pilgrim, T. Brooks, C. G. Mittermeier, J. Lamoreux, and G. A. B. Fonseca 2004. Hotspots Revisited. CEMEX.
- MMA/PROBIO. 2003. Áreas prioritárias para a conservação, utilização sustentável e repartição de benefícios da biodiversidade brasileira. Ministério do Meio Ambiente/Secretaria de Biodiversidade e Florestas/Projeto de Conservação e Utilização Sustentável da Diversidade Biológica Brasileira - PROBIO, Brasília, DF.
- Myers, N., R. A. Mittermeier, C. G. Mittermeier, G. A. B. Fonseca, and J. Kent. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* **403**:853-858.
- Nascimento, F. P., T. C. S. Ávila-Pires, and O. R. Cunha. 1988. Répteis Squamata de Rondônia e Mato Grosso coletados através do Programa Polonoroeste. *Boletim do Museu Paraense Emílio Goeldi, nova série, Zoologia* **4**:21-66.
- Quinn, T. W. 1997. Molecular evolution of the mitochondrial genome. Pages 3-28 in D. P. Mindel, editor. *Avian Molecular Evolution and Systematics*. Academic Press, San Diego.
- Ribeiro, J. F., and B. M. T. Walter. 1998. Fitofisionomias do bioma Cerrado. Pages 87-166 in S. M. Sano, and S. P. Almeida, editors. *Cerrado: ambiente e flora*. EMBRAPA-CPAC, Planaltina.
- Ridgely, R. S., and G. Tudor 1994. *The birds of South America, vol 2: The suboscine passerines*. University of Texas Press, Austin.
- Rozas, J., and R. Rozas. 1999. DnaSP version 3: an integrated program for molecular population genetics and molecular evolution analysis. *Bioinformatics* **15**:174-175.

- Sambrook, J., E. F. Fritsch, and T. Maniatis 1989. *Molecular cloning: a laboratory manual*. Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor.
- Sanaïotti, T. M. 1996. *The woody flora and soils of seven Brazilian Amazonian dry savanna areas*. University of Stirling.
- SAS-Institute. 2000. *The SAS System for Windows*. SAS Institute, Cary, North Carolina.
- Schneider, S., D. Roessli, and L. Excoffier. 2000. *Arlequin: A software for population genetics data analysis*. Genetics and Biometry Lab, Dept. of Anthropology, University of Geneva, Geneva.
- Silva, J. M. C. 1995a. Biogeographic analysis of the South American Cerrado avifauna. *Steenstrupia* **21**:49-67.
- Silva, J. M. C. 1995b. Birds of the Cerrado Region, South America. *Steenstrupia* **21**:69-92.
- Silva, J. M. C., and J. M. Bates. 2002. Biogeographic patterns and conservation in the South American Cerrado: A tropical savanna hotspot. *BioScience* **52**:225-233.
- Silva, J. M. C., D. C. Oren, J. C. Roma, and L. M. P. Henriques. 1997. Composition and distribution patterns of the avifauna of an Amazonian upland savanna, Amapá, Brazil. Pages 743-762. *Ornithological Monographs*.
- Stotz, D. F., J. W. Fitzpatrick, T. A. Parker III, and D. K. Moskovits 1996. *Neotropical birds: Ecology and conservation*. The University of Chicago Press, Chicago.
- Strandberg, A. K. K., and L. Salter. 2004. A comparison of methods for estimating the transition:transversion ratio from DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution* **32**:495-503.
- Swofford, D. L. 1998. *PAUP*: Phylogenetic Analysis Using Parsimony (and Other Methods)*, version 4.0d61. Sinauer Associates, Sunderland.

- Tubelis, D. P., A. Cowling, and C. Donnelly. 2004. Landscape supplementation in adjacent savannas and its implications for the design of corridors for forest birds in the Central Cerrado, Brazil. *Biological Conservation* **118**:353-364.
- Vanzolini, P. E. 1986. Levantamento herpetológico da área do estado de Rondônia sob a influência da rodovia BR 364. Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, Brasília.
- Wiederhecker, H. C. 2004. Variação morfológica e molecular em populações de lagartos em fragmentos naturais e antrópicos de Cerrado. Page 77. Departamento de Ecologia. Universidade de Brasília, Brasília, DF.
- Young, A., T. Boyle, and T. Brown. 1996. The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology and Evolution* **11**:413-418.
- Young, A. G., H. G. Merriam, and S. I. Warwick. 1993. The effects of forest fragmentation on genetic variation in *Acer saccharum* Marsh. (sugar maple) populations. *Heredity* **71**:277-289.

Tabela 1: Tamanhos amostrais e locais de coleta de tecidos para análise da variabilidade populacional de *Formicivora rufa* e *Formicivora grisea*. N = número de amostras de tecido obtidas em cada localidade estudada; Citb = número de amostras sequenciadas para o gene Citocromo b em cada área amostral; ND2 = número de amostras sequenciadas para o gene ND2 em cada área amostral.

Locais	Área total (ha)	<i>F. rufa</i>			<i>F. grisea</i>			Latitude (°, ', ") S	Longitude (°, ', ") W
		N	Citb	ND2	N	Cit b	ND2		
RO-1	1.006,35	5	5	5	2	1	2	12 28 09	60 09 18
RO-2	1.091,97	-	-	-	4	4	3	11 44 56	60 43 46
RO-3	1.530,00	6	5	4	4	4	4	11 45 27	60 49 52
RO-4	873,37	6	6	3	5	5	4	11 47 20	60 50 06
RO-5	7.481,71	5	5	5	4	4	3	11 45 31	61 02 56
TO-1	Área contínua	4	4	4	-	-	-	11 33 34	46 28 47
Total		26	25	21	19	18	16		

Tabela 2 - Lista de haplótipos, frequências absolutas e sítios nucleotídicos variáveis nas seqüências do gene Citocromo b de *Formicivora rufa* em quatro fragmentos de Cerrado em Rondônia e um do Tocantins. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências em cada fragmento.

Sítios	Haplótipos														
	Variáveis	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N
24	C	T
33	C	T	.	.	.
63	C	T	.	.
78	C	T	T	T	.	.	.
93	G	T	.	.	C	C	C	C	C
113	A	G
211	A	G	G	G	.	.
362	T	C
382	T	C	C	C	C	C
403	C	A
411	A	G	.	.
427	G	.	.	.	A
453	C	T	T	T	.	T	T	T	T	T	T	T	T	T	T
513	C	T
604	C	T	.
630	A	.	.	G
643	T	C
828	T	C	C	C	C
846	T	.	.	.	C
890	A	G	G
943	C	A	.	A	A	A
Fragmentos	Frequências absolutas														
RO-1 (5)	3	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RO-3 (5)	2	2	-	-	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RO-4 (6)	1	1	-	-	-	-	1	1	1	1	-	-	-	-	-
RO-5 (5)	1	2	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TO-1 (4)	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	1	1

Tabela 3 - Lista de haplótipos, frequências absolutas e sítios nucleotídicos variáveis nas seqüências do gene Citocromo b de *Formicivora grisea* em cinco fragmentos de Cerrado em Rondônia. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências em cada fragmento.

Sítios Variáveis	Haplótipo						
	A	B	C	D	E	F	G
19	C	G
45	T	.	.	C	.	.	.
103	C	.	T
210	A	T	.
461	A	.	.	.	G	.	.
465	A	G	.	.	G	.	.
820	T	.	.	.	C	.	.
859	A	.	G
Fragmentos	Frequências absolutas						
RO-1 (1)	-	-	1	-	-	-	-
RO-2 (4)	2	2	-	-	-	-	-
RO-3 (4)	2	-	-	1	1	-	-
RO-4 (5)	4	-	-	-	-	1	-
RO-5 (4)	3	-	-	-	-	-	1

Tabela 4 - Lista de haplótipos, frequências absolutas e sítios nucleotídicos variáveis nas seqüências do gene ND2 de *Formicivora rufa* em quatro fragmentos de Cerrado em Rondônia e um do Tocantins. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências em cada fragmento.

Sítios	Haplótipos													
	Variáveis	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
53	C	G	.	.	G
91	A	.	G	G	G	.	G
93	T	.	.	.	G	.	.	.	G
166	G	A	.	.	.
177	C	T	.	.	.
204	G	.	A	A	.	.	A
273	C	T
318	G	A	A	A	A	.	A	.	.	.	A	A	A	A
370	C	.	A	A	A	.	A
507	A	.	.	G
738	T	C
855	A	.	G	G	G	.	.
930	T	.	C	C	C	.	.
994	T	G
1013	T	A	.
1018	C	G	.
1032	A	C	.
Fragmentos	Frequências absolutas													
RO-1 (5)	-	1	-	1	1	1	-	-	-	-	-	-	1	-
RO-3 (4)	-	1	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	1
RO-4 (3)	1	1	-	-	-	-	-	-	1	-	-	-	-	-
RO-5 (5)	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
TO-1 (4)	-	-	2	-	-	-	-	-	-	-	1	1	-	-

Tabela 5 - Lista de haplótipos, frequências absolutas e sítios nucleotídicos variáveis nas seqüências do gene ND2 de *Formicivora grisea* em cinco fragmentos de Cerrado em Rondônia. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências em cada fragmento.

Sítios	Haplótipo													
	Variáveis	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M
144	C	G
222	C	.	.	T
419	C	G	.	.
461	T	C
477	C	.	.	.	T	.	.	.	T
495	T	C
535	C	T
597	A	G	.	.	.
621	C	.	A
679	C	T
726	A	.	.	.	T	T
742	C	T
830	T	.	.	C
1033	G	A	A	A	.	.
Fragmentos	Frequências absolutas													
RO-1 (2)	-	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
RO-2 (3)	-	-	-	1	1	1	-	-	-	-	-	-	-	-
RO-3 (4)	2	-	-	-	-	-	1	1	-	-	-	-	-	-
RO-4 (4)	1	-	-	-	-	-	-	-	1	1	1	-	-	-
RO-5 (3)	-	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	1

Tabela 6 – Distâncias p (em porcentagem) e erros padrões entre pares de seqüências de Citocromo b e ND2 de *Formicivora rufa*. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências.

	RO-1	RO-3	RO-4	RO-5	RO-1 a 5	TO-1	Todos
Citocromo b	0,20 ± 0,05 (5)	0,16 ± 0,03 (5)	0,28 ± 0,03 (6)	0,10 ± 0,02 (5)	0,20 ± 0,01 (21)	0,45 ± 0,04 (4)	0,34 ± 0,02 (25)
ND2	0,27 ± 0,04 (5)	0,34 ± 0,07 (4)	0,13 ± 0,06 (3)	0,00 (5)	0,20 ± 0,01 (17)	0,19 ± 0,06 (4)	0,33 ± 0,02 (21)
Combinação	0,24 ± 0,03 (5)	0,16 ± 0,04 (3)	0,23 ± 0,06 (3)	0,05 ± 0,01 (5)	0,17 ± 0,01 (16)	0,32 ± 0,05 (4)	0,34 ± 0,02 (20)

Tabela 7 - Distâncias p (em porcentagem) e erros padrões entre pares de seqüências de Citocromo b e ND2 de *Formicivora grisea*. Valores entre parêntesis correspondem ao número de seqüências.

	RO-1	RO-2	RO-3	RO-4	RO-5	Todos
Citocromo b	- (1)	0,07 ± 0,02 (4)	0,04 ± 0,02 (4)	0,05 ± 0,02 (5)	0,05 ± 0,02 (4)	0,11 ± 0,01 (18)
ND2	0,19 (2)	0,32 ± 0,06 (3)	0,14 ± 0,04 (4)	0,19 ± 0,04 (4)	0,19 ± 0,06 (3)	0,22 ± 0,01 (16)
Combinação	- (1)	0,20 ± 0,05 (3)	0,17 ± 0,03 (4)	0,12 ± 0,01(4)	0,13 ± 0,02 (3)	0,17 ± 0,01 (15)

Tabela 8 - Níveis de polimorfismo (diversidade nucleotídica, π e haplotípica, h) e seus desvios padrões para seqüências dos genes mitocondriais Citocromo b e ND2 de *Formicivora rufa* e *Formicivora grisea*. Valores entre parêntesis referem-se aos números de seqüências de Citocromo b, ND2 e à combinação de ambos os genes.

	Citocromo b		ND2		Seqüências combinadas	
	Diversidade nucleotídica (π)	Diversidade haplotípica (h)	Diversidade nucleotídica (π)	Diversidade haplotípica (h)	Diversidade nucleotídica (π)	Diversidade haplotípica (h)
<i>Formicivora rufa</i>						
RO-1 (5, 5, 5)	0,0020 ± 0,0016	0,700 ± 0,218	0,0027 ± 0,0020	1,000 ± 0,177	0,0024 ± 0,0016	1,000 ± 0,127
RO-3 (5, 4, 3)	0,0016 ± 0,0013	0,800 ± 0,164	0,0034 ± 0,0026	1,000 ± 0,177	0,0016 ± 0,0014	1,000 ± 0,272
RO-4 (6, 3, 3)	0,0028 ± 0,0020	1,000 ± 0,096	0,0013 ± 0,0013	1,000 ± 0,272	0,0023 ± 0,0019	1,000 ± 0,272
RO-5 (5, 5, 5)	0,0010 ± 0,0009	0,800 ± 0,164	0,0000 ± 0,0000	0,000 ± 0,000	0,0006 ± 0,0005	0,833 ± 0,222
RO-1 a 5 (21, 17, 16)	0,0017 ± 0,0010	0,967 ± 0,036	0,0020 ± 0,0013	0,868 ± 0,070	0,0017 ± 0,0010	0,967 ± 0,036
TO-1 (4, 4, 4)	0,0045 ± 0,0033	1,000 ± 0,177	0,0019 ± 0,0016	0,833 ± 0,222	0,0032 ± 0,0023	1,000 ± 0,177
<i>Formicivora grisea</i>						
RO-1 (1, 2, 1)	-	1,000 ± 0,000	0,0019 ± 0,0024	1,000 ± 0,500	-	1,000 ± 0,272
RO-2 (4, 3, 3)	0,0007 ± 0,0007	0,667 ± 0,204	0,0032 ± 0,0028	1,000 ± 0,272	0,0020 ± 0,0017	1,000 ± 0,272
RO-3 (4, 4, 4)	0,0020 ± 0,0017	0,833 ± 0,222	0,0014 ± 0,0013	0,833 ± 0,222	0,0017 ± 0,0013	1,000 ± 0,177
RO-4 (5, 4, 4)	0,0004 ± 0,0005	0,400 ± 0,237	0,0019 ± 0,0016	1,000 ± 0,177	0,0012 ± 0,0010	1,000 ± 0,177
RO-5 (4, 3, 3)	0,0005 ± 0,0006	0,500 ± 0,265	0,0019 ± 0,0018	1,000 ± 0,272	0,0013 ± 0,0012	1,000 ± 0,272

Tabela 9 – Resultados das análises de correlação entre as variáveis estudadas para *Formicivora rufa*. Números sem parêntesis referem-se ao coeficiente de correlação de Spearman (r_s), enquanto aqueles entre parêntesis referem-se ao nível de significância deste. π = diversidade nucleotídica; h = diversidade haplotípica; p = distâncias genéticas entre seqüências pareadas.

	Citocromo b				ND2			Citocromo b e ND2
	Área	π	h	p	π	h	p	π
Citocromo b								
π	0,00000 (1,0000)							
h	0,15811 (0,7995)	0,63246 (0,2522)						
p	0,00000 (1,0000)	1,00000 (<,0001)	0,63246 (0,2522)					
ND2								
π	-0,10000 (0,8729)	0,10000 (0,8729)	-0,36893 (0,5411)	0,10000 (0,8729)				
h	-0,78262 (0,1176)	0,22361 (0,7177)	-0,17678 (0,7761)	0,22361 (0,7177)	0,67082 (0,2152)			
P	-0,10000 (0,8729)	0,10000 (0,8729)	-0,36893 (0,5411)	0,10000 (0,8729)	1,00000 (<,0001)	0,67082 (0,2152)		
Citocromo b e ND2								
π	0,10000 (0,8729)	0,90000 (0,0374)	0,26352 (0,6684)	0,90000 (0,0374)	0,30000 (0,6238)	0,22361 (0,7177)	0,30000 (0,6238)	
h	-0,35355 (0,5594)	0,70711 (0,1817)	0,18634 (0,7641)	0,70711 (0,1817)	0,70711 (0,1817)	0,79057 (0,1114)	0,70711 (0,1817)	0,70711 (0,1817)

Tabela 10 – Resultados das análises de correlação entre as variáveis estudadas para *Formicivora grisea*. Números sem parêntesis referem-se ao coeficiente de correlação de Spearman (r_s), enquanto aqueles entre parêntesis referem-se ao nível de significância deste. π = diversidade nucleotídica; h = diversidade haplotípica.

	Área	Citocromo b		ND2	
		π	h	π	h
Citocromo b					
π	0,40000 (0,6000)				
h	0,40000 (0,6000)	1,00000 ($<$,0001)			
ND2					
π	-0,31623 (0,6838)	-0,31623 (0,6838)	-0,31623 (0,6838)		
h	-0,25820 (0,7418)	-0,77460 (0,2254)	-0,77460 (0,2254)	0,81650 (0,1835)	
Citocromo b e ND2					
π	0,20000 (0,8000)	0,80000 (0,2000)	0,80000 (0,2000)	0,31623 (0,6838)	-0,25820 (0,7418)

Figura 1- Localização das áreas de estudo: A) contexto geográfico brasileiro; B) detalhe da localização dos fragmentos de Rondônia (RO-1 a RO-5).

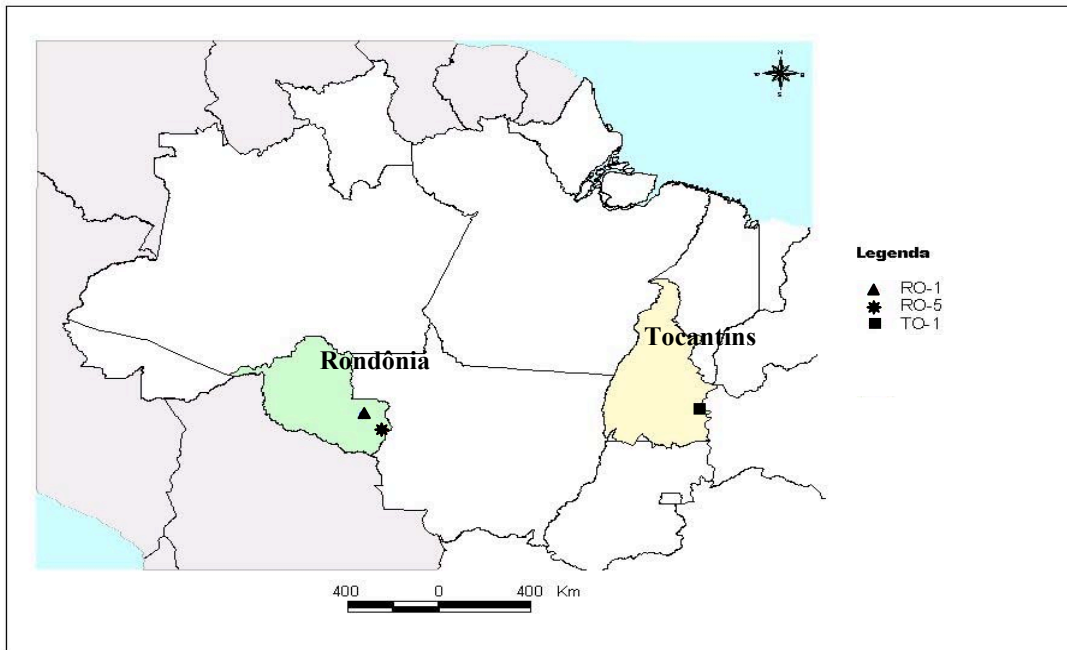
Figura 2 – Árvores de consenso resultantes das análises de bootstrap com 10.000 repetições, empregando o método de evolução mínima e o modelo de distâncias p para *Formicivora rufa*. A) Cit b, B) ND2. Nos haplótipos, a letra faz referência às Tabelas 2 (Cit b) e 4 (ND2), o primeiro número indica uma área amostral onde este ocorre (6 = Tocantins) e os três últimos o código de campo do indivíduo a que se refere a seqüência de DNA. Os números sobre os ramos indicam o grau de suporte dos cladogramas.

Figura 3 – Árvores de consenso resultantes das análises de bootstrap com 10.000 repetições, empregando o método de evolução mínima e o modelo de distâncias p para *Formicivora grisea*. A) Cit b, B) ND2. Nos haplótipos, a letra faz referência às Tabelas 3 (Cit b) e 5 (ND2), o primeiro número indica uma área amostral onde este ocorre e os três últimos o código de campo do indivíduo a que se refere a seqüência de DNA. Os números sobre os ramos indicam o grau de suporte dos cladogramas.

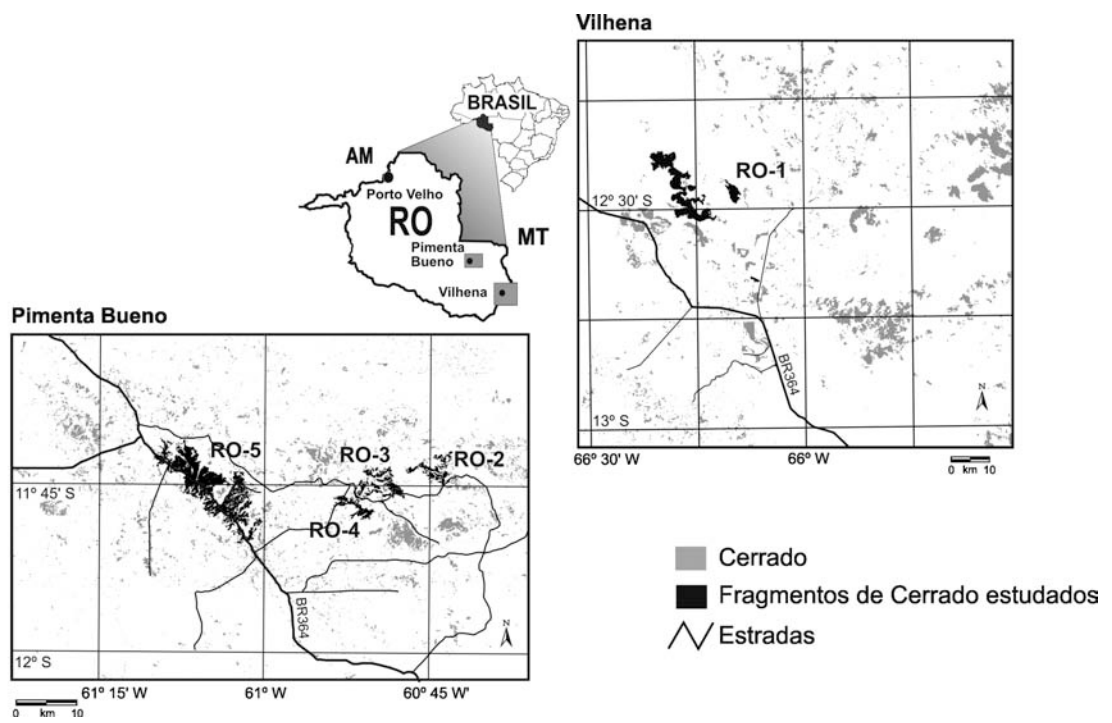
Figura 4 - Redes de haplótipos para *Formicivora rufa*, empregando o método “median joining”. A) Cit b; B) ND2. Símbolos: círculos = haplótipos, sendo que a letra faz referência às Tabelas 2 (Cit b) e 4 (ND2), o primeiro número indica uma área amostral onde este ocorre (6 = Tocantins) e os três últimos o código de campo do indivíduo a que se refere a seqüência de DNA. O tamanho dos círculos é proporcional à freqüência das seqüências nas áreas amostrais.: Legenda de preenchimento: cruzado inclinado = fragmento RO-1; diagonal à direita = fragmento RO-3; horizontal = fragmento RO-4; cruzado vertical = fragmento RO-5; círculo cheio = área contínua TO-1; mv (missing value) = indica a existência de um provável haplótipo, porém ausente na amostra. As seqüências de três números sublinhados sobre os ramos referem-se aos sítios variáveis.

Figura 5 - Redes de haplótipos para *Formicivora grisea*, empregando o método “median joining”. A) Cit b; B) ND2. Símbolos: círculos = haplótipos, sendo que a letra faz referência às Tabelas 3 (Cit b) e 5 (ND2), o primeiro número indica uma área amostral onde este ocorre e os três últimos o código de campo do indivíduo a que se refere a seqüência de DNA. O tamanho dos círculos é proporcional à freqüência das seqüências nas áreas amostrais. Legenda de preenchimento: cruzado inclinado = fragmento RO-1; diagonal à esquerda: fragmento RO-2; diagonal à direita = fragmento RO-3; horizontal = fragmento RO-4; cruzado vertical = fragmento RO-5; mv (missing value) = indica a existência de um provável haplótipo, porém ausente na amostra. As seqüências de três números sublinhados sobre os ramos referem-se aos sítios variáveis.

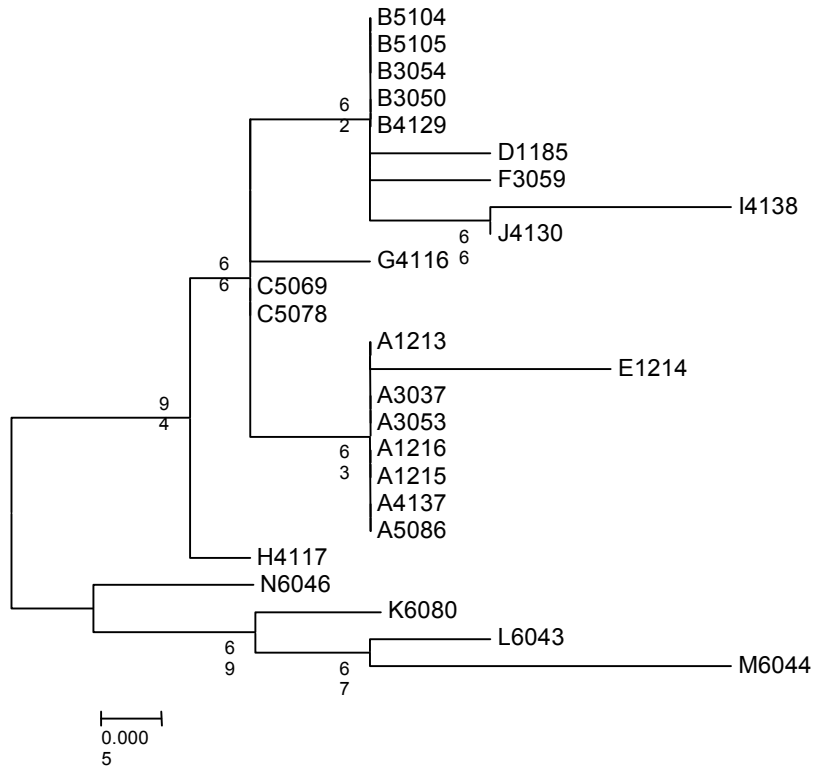
A)



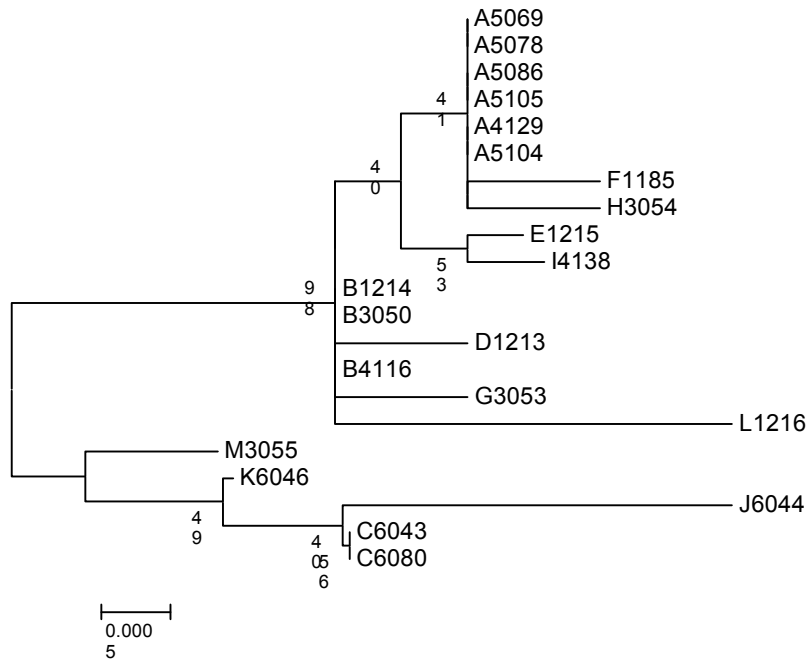
B)

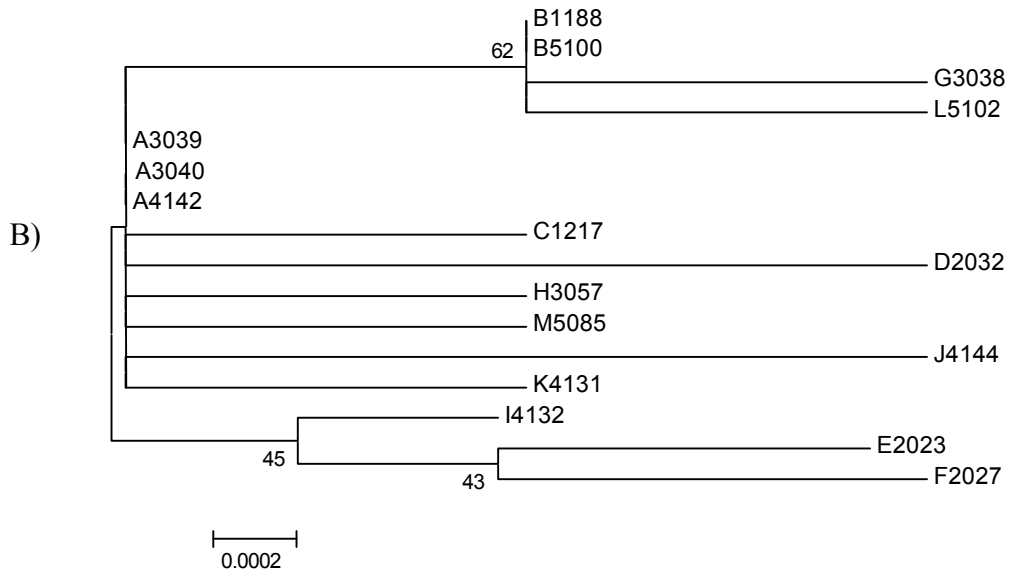
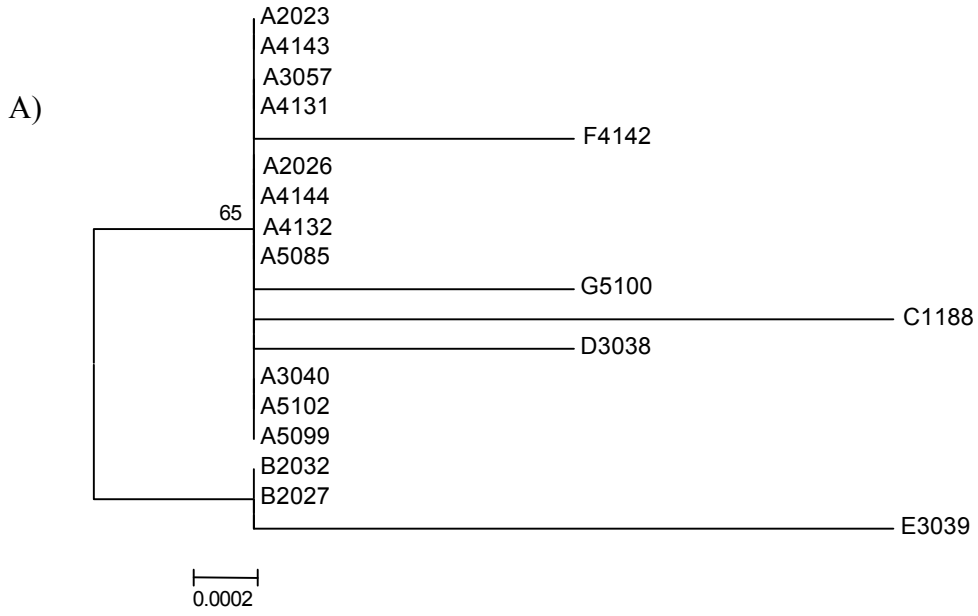


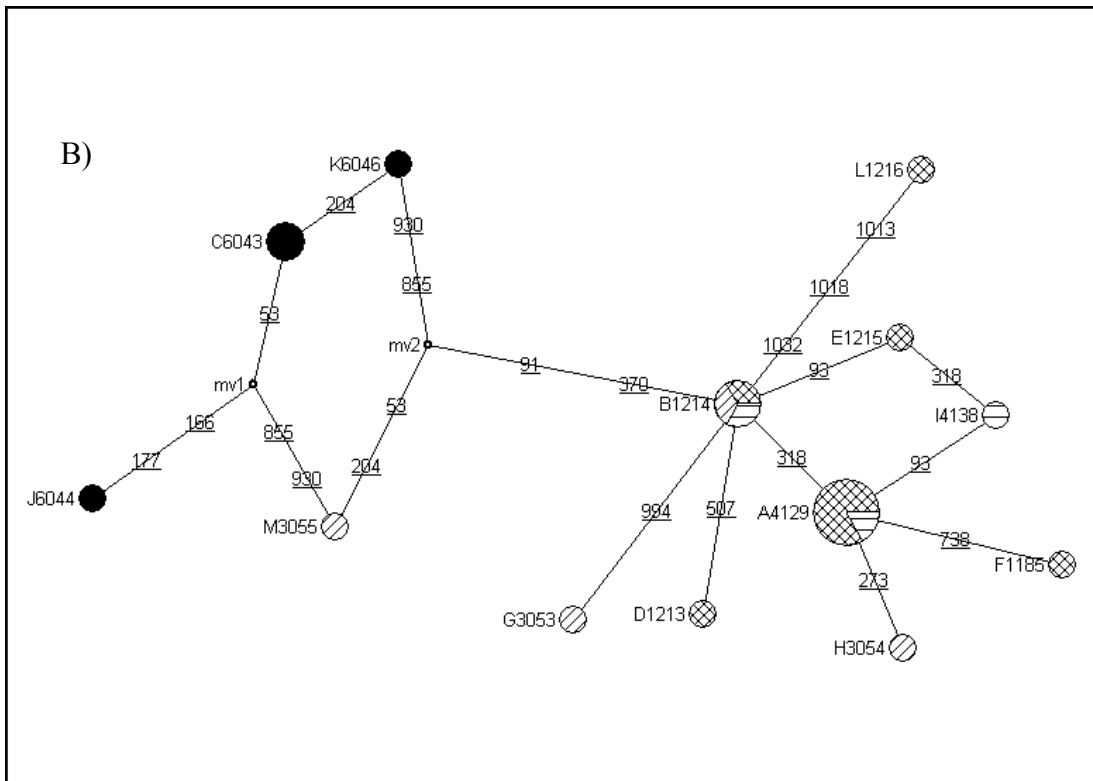
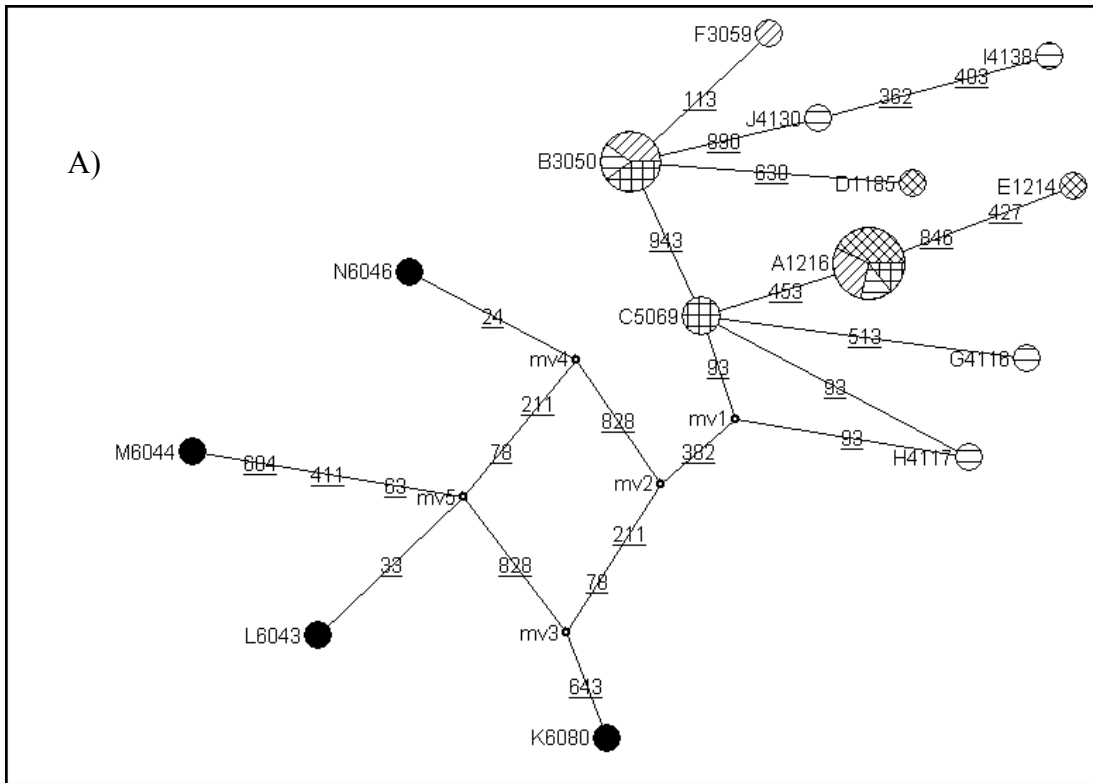
A)



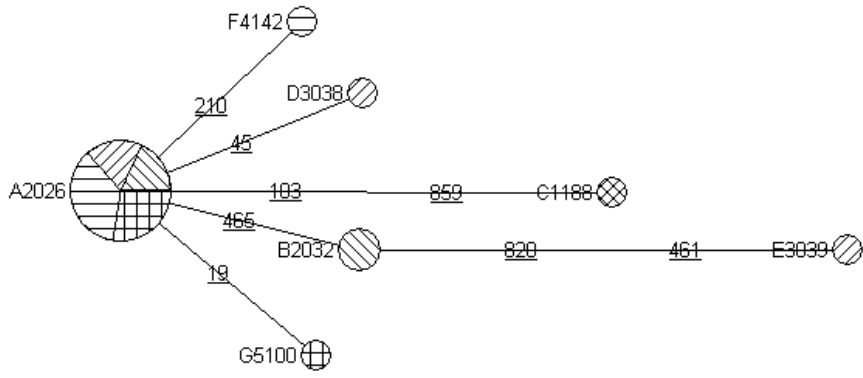
B)



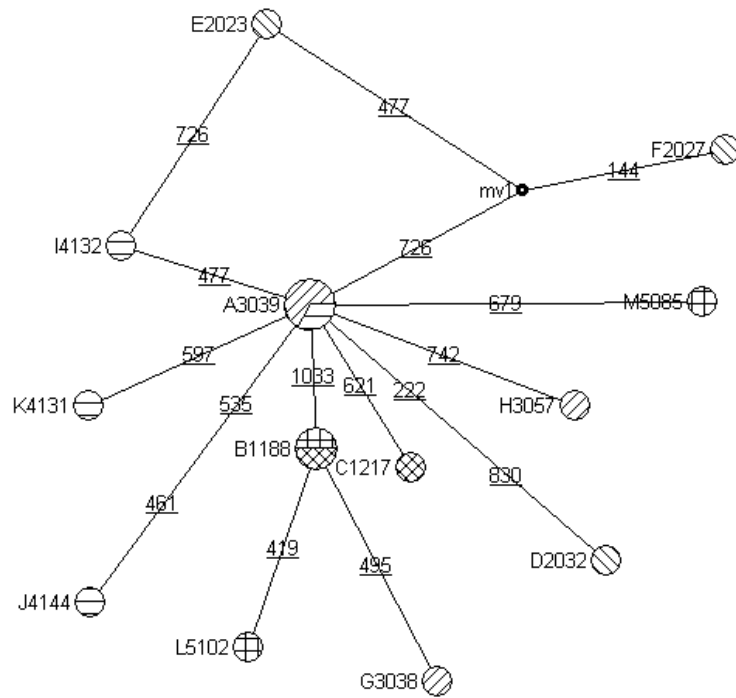




A)



B)



Anexo 1 - Matriz de alinhamento das seqüências do gene Citocromo b de *Formicivora rufa*

	5	15	25	35	45	55
1Fr185	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
1Fr216	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
1Fr213	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
1Fr214	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
1Fr215	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
3Fr037	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
3Fr050	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
3Fr053	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
3Fr054	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
3Fr059	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr116	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr117	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr138	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr130	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr137	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
4Fr129	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
5Fr069	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
5Fr086	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
5Fr104	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
5Fr105	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
5Fr078	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
6Fr080	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
6Fr043	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GATACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
6Fr044	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTACACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC
6Fr046	GGCCTACTAA	TAGCAATACA	CTATACAGCA	GACACCACTT	TAGCCTTTAC	ATCAGTAGCC

	65	75	85	95	105	115
1Fr185	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
1Fr216	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
1Fr213	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
1Fr214	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
1Fr215	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fr037	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fr050	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fr053	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fr054	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fr059	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAGCGGAGCC
4Fr116	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fr117	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fr138	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fr130	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fr137	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fr129	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fr069	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fr086	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fr104	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fr105	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fr078	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTGATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
6Fr080	TACACCTGCC	GAAACGTTCA	ATTTCGGATGA	CTCATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
6Fr043	TACACCTGCC	GAAACGTTCA	ATTTCGGATGA	CTCATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
6Fr044	TATACCTGCC	GAAACGTTCA	ATTTCGGATGA	CTCATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
6Fr046	TACACCTGCC	GAAACGTCCA	ATTTCGGATGA	CTCATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC

	125	135	145	155	165	175
1Fr185	TCCCTATTTT	TCATTTGCAT	CTACCTGCAT	ATTGGACGAG	GACTCTACTA	TGGCTCCTAC

4Fr117	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
4Fr138	TCCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCAACTTCCT	ACTCCCTTTT
4Fr130	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
4Fr137	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
4Fr129	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
5Fr069	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
5Fr086	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
5Fr104	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
5Fr105	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
5Fr078	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CTTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
6Fr080	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
6Fr043	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT
6Fr044	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	GCTCCCTTTT
6Fr046	TTCTCAGTCG	ACAATCCTAC	CCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTCCT	ACTCCCTTTT

....
425	435	445	455	465	475	

1Fr185	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
1Fr216	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
1Fr213	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
1Fr214	GTCATCACAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
1Fr215	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fr037	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fr050	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fr053	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fr054	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fr059	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr116	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr117	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr138	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr130	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr137	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fr129	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fr069	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fr086	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACCTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fr104	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fr105	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fr078	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
6Fr080	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
6Fr043	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
6Fr044	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
6Fr046	GTCATCGCAG	GCCTTACATT	CGTCCACCTT	ACTTTCTTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC

....
485	495	505	515	525	535	

1Fr185	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
1Fr216	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
1Fr213	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
1Fr214	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
1Fr215	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fr037	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fr050	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fr053	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fr054	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fr059	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr116	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr117	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr138	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr130	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr137	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fr129	CCCCTAGGCA	TCTCATCAAA	CTGCGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA

	785	795	805	815	825	835
1Fr185	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
1Fr216	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
1Fr213	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
1Fr214	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
1Fr215	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
3Fr037	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
3Fr050	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
3Fr053	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
3Fr054	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
3Fr059	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr116	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr117	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr138	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr130	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr137	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
4Fr129	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
5Fr069	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
5Fr086	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
5Fr104	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
5Fr105	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
5Fr078	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
6Fr080	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTTAT	ATTCTGAATT
6Fr043	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
6Fr044	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
6Fr046	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAATCTTT	CGGCCCTTT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT

	845	855	865	875	885	895
1Fr185	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
1Fr216	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
1Fr213	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
1Fr214	CTAGTCGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
1Fr215	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
3Fr037	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
3Fr050	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
3Fr053	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
3Fr054	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
3Fr059	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
4Fr116	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
4Fr117	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
4Fr138	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGG	ACACCCATTC
4Fr130	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGG	ACACCCATTC
4Fr137	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
4Fr129	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
5Fr069	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
5Fr086	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
5Fr104	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
5Fr105	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
5Fr078	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
6Fr080	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
6Fr043	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
6Fr044	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC
6Fr046	CTAGTTGCCA	ACCTTCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGCC	AACCAGTAGA	ACACCCATTC

	905	915	925	935	945	955
1Fr185	ATTATTATCG	GCCAAC TAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCTACTAGT	TCTATTCCCA
1Fr216	ATTATTATCG	GCCAAC TAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCTACTAGT	TCTATTCCCA
1Fr213	ATTATTATCG	GCCAAC TAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCTACTAGT	TCTATTCCCA

1Fr214	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
1Fr215	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
3Fr037	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
3Fr050	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
3Fr053	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
3Fr054	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
3Fr059	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr116	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr117	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr138	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr130	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr137	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
4Fr129	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
5Fr069	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
5Fr086	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
5Fr104	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
5Fr105	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCATACTAGT	TCTATTCCCA
5Fr078	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
6Fr080	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
6Fr043	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
6Fr044	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA
6Fr046	ATTATTATCG	GCCAAGTAGC	TTCAATTACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTCCCA

.....|.....||.....||.....||.....
 965 975 985 995

1Fr185	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
1Fr216	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
1Fr213	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
1Fr214	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
1Fr215	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
3Fr037	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
3Fr050	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
3Fr053	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
3Fr054	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
3Fr059	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr116	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr117	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr138	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr130	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr137	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
4Fr129	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
5Fr069	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
5Fr086	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
5Fr104	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
5Fr105	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
5Fr078	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
6Fr080	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
6Fr043	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
6Fr044	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA
6Fr046	ATCATCAGCA	CCCTAGAGAA	CAAAAATACTC	AACCTCTAA

Anexo 2 - Matriz de alinhamento das seqüências do gene ND2 de *Formicivora rufa*

	5	15	25	35	45	55
1Fr185	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
1Fr213	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
1Fr214	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
1Fr215	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
1Fr216	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
3Fr050	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
3Fr053	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
3Fr054	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
3Fr055	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AAGTATCACA
4Fr116	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
4Fr129	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
4Fr138	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
5Fr069	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
5Fr078	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
5Fr086	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
5Fr104	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
5Fr105	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
6Fr043	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
6Fr044	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AAGTATCACA
6Fr046	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA
6Fr080	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	ATAAGCCTAT	TCTTAGGAAC	AACTATCACA

	65	75	85	95	105	115
1Fr185	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
1Fr213	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
1Fr214	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
1Fr215	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACGGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
1Fr216	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
3Fr050	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
3Fr053	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
3Fr054	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
3Fr055	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	GCTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
4Fr116	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
4Fr129	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
4Fr138	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACGGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
5Fr069	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
5Fr078	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
5Fr086	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
5Fr104	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
5Fr105	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	ACTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
6Fr043	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	GCTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
6Fr044	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	GCTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
6Fr046	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	GCTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC
6Fr080	ATCTCAAGTA	ACCATTGAAT	GATAGCATGG	GCTGGACTAG	AAATTAATAC	CCTAGCCATC

	125	135	145	155	165	175
1Fr185	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
1Fr213	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
1Fr214	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
1Fr215	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
1Fr216	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fr050	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fr053	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fr054	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fr055	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC

4Fr116	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fr129	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fr138	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fr069	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fr078	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fr086	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fr104	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fr105	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
6Fr043	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
6Fr044	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
6Fr046	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
6Fr080	CTCCCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC

....
185	195	205	215	225	235	

1Fr185	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
1Fr213	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
1Fr214	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
1Fr215	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
1Fr216	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
3Fr050	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
3Fr053	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
3Fr054	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
3Fr055	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
4Fr116	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
4Fr129	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
4Fr138	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
5Fr069	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
5Fr078	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
5Fr086	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
5Fr104	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
5Fr105	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
6Fr043	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
6Fr044	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
6Fr046	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT
6Fr080	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCGCTACTC	TTATTTTCCA	GCATAACCAA	TGCATGAAGT

....
245	255	265	275	285	295	

1Fr185	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
1Fr213	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
1Fr214	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
1Fr215	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
1Fr216	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
3Fr050	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
3Fr053	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
3Fr054	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AATCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
3Fr055	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
4Fr116	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
4Fr129	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
4Fr138	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
5Fr069	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
5Fr078	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
5Fr086	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
5Fr104	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
5Fr105	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
6Fr043	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
6Fr044	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
6Fr046	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA
6Fr080	ACTGGACAAT	GAGACATCAC	TCAACTCACT	AACCCTACAT	CCTGTCTACT	TCTTACAACA

4Fr129	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
4Fr138	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fr069	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fr078	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fr086	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fr104	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fr105	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
6Fr043	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
6Fr044	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
6Fr046	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC
6Fr080	CTATTCTTAC	TCACATCACC	CTCACTTAAC	CCCACCCTAT	TGACACTCAT	AGCAATCGCC

....
485	495	505	515	525	535	

1Fr185	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
1Fr213	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGGCTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
1Fr214	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
1Fr215	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
1Fr216	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fr050	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fr053	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCaA	AATCCTAGCC
3Fr054	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fr055	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fr116	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fr129	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fr138	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fr069	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fr078	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fr086	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fr104	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fr105	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
6Fr043	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
6Fr044	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
6Fr046	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
6Fr080	TCAACAGCCC	TAGGAGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAACTC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC

....
545	555	565	575	585	595	

1Fr185	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
1Fr213	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
1Fr214	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
1Fr215	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
1Fr216	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
3Fr050	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
3Fr053	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
3Fr054	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
3Fr055	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
4Fr116	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
4Fr129	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
4Fr138	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
5Fr069	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
5Fr078	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
5Fr086	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
5Fr104	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
5Fr105	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
6Fr043	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
6Fr044	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
6Fr046	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC
6Fr080	TTTCCTCTA	TTTCCCCTT	AGGCTGAATA	ACCATTATTC	TTATATACAA	CCCTAAACTC

	605	615	625	635	645	655
1Fr185	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
1Fr213	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
1Fr214	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
1Fr215	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
1Fr216	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
3Fr050	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
3Fr053	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
3Fr054	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
3Fr055	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
4Fr116	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
4Fr129	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
4Fr138	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
5Fr069	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
5Fr078	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	cTATTGCCTG	ATAACCATTC	CaATTTTTCT	AACCCTCAAC
5Fr086	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
5Fr104	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
5Fr105	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
6Fr043	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
6Fr044	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
6Fr046	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC
6Fr080	ACTTTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACCATTC	CAATTTTTCT	AACCCTCAAC

	665	675	685	695	705	715
1Fr185	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
1Fr213	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
1Fr214	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
1Fr215	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
1Fr216	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fr050	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fr053	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fr054	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fr055	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fr116	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fr129	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fr138	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fr069	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fr078	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fr086	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fr104	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fr105	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
6Fr043	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
6Fr044	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
6Fr046	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
6Fr080	ACAATCAAAA	CCTTAAAAC	TACTACAATA	TCAACCGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT

	725	735	745	755	765	775
1Fr185	ACCGCAACCC	TTATACTCAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
1Fr213	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
1Fr214	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
1Fr215	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
1Fr216	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fr050	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fr053	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fr054	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fr055	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
4Fr116	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
4Fr129	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC

4Fr138	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fr069	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fr078	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fr086	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fr104	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fr105	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
6Fr043	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
6Fr044	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
6Fr046	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
6Fr080	ACCGCAACCC	TTATACTTAT	ACTTTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC

....
785	795	805	815	825	835

1Fr185	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
1Fr213	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
1Fr214	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
1Fr215	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
1Fr216	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fr050	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fr053	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fr054	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fr055	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fr116	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fr129	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fr138	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fr069	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fr078	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fr086	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fr104	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fr105	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
6Fr043	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
6Fr044	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
6Fr046	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
6Fr080	CTACCAAAAAT	GGCTAATTAT	CCAAGAACTG	ACTAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA

....
845	855	865	875	885	895

1Fr185	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
1Fr213	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
1Fr214	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
1Fr215	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
1Fr216	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
3Fr050	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
3Fr053	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
3Fr054	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
3Fr055	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
4Fr116	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
4Fr129	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
4Fr138	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
5Fr069	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
5Fr078	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
5Fr086	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
5Fr104	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
5Fr105	ATCATTGCC	TTCTATCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
6Fr043	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
6Fr044	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
6Fr046	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC
6Fr080	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGTGCC

	905	915	925	935	945	955
1Fr185	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
1Fr213	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
1Fr214	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
1Fr215	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
1Fr216	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
3Fr050	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
3Fr053	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
3Fr054	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
3Fr055	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
4Fr116	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
4Fr129	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
4Fr138	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
5Fr069	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
5Fr078	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
5Fr086	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
5Fr104	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
5Fr105	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
6Fr043	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAC	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
6Fr044	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAC	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
6Fr046	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAC	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA
6Fr080	ACAATTACCC	TCCCACCAAA	CCCTATTAAC	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAACAAATCA

	965	975	985	995	1005	1015
1Fr185	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
1Fr213	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
1Fr214	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
1Fr215	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
1Fr216	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCATTCCGCC
3Fr050	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
3Fr053	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGGCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
3Fr054	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
3Fr055	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
4Fr116	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
4Fr129	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
4Fr138	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
5Fr069	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
5Fr078	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
5Fr086	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
5Fr104	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
5Fr105	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
6Fr043	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
6Fr044	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
6Fr046	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC
6Fr080	ACAAATATAA	CTATCACAAAC	TTTCACCACC	CTGTCTATCA	TACTCTTACC	CCTTTCCCCC

	1025	1035	
1Fr185	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
1Fr213	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
1Fr214	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
1Fr215	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
1Fr216	ATGATCTTCA	CCGTCCCCTA	G
3Fr050	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
3Fr053	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
3Fr054	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
3Fr055	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
4Fr116	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G
4Fr129	ATGATCTTCA	CAGTCCCCTA	G

4Fr138 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
5Fr069 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
5Fr078 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
5Fr086 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
5Fr104 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
5Fr105 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
6Fr043 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
6Fr044 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
6Fr046 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
6Fr080 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G

Anexo 3 - Matriz de alinhamento das seqüências do gene Citocromo b de *Formicivora grisea*

	5	15	25	35	45	55
1Fg188	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
2Fg032	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
2Fg027	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
2Fg026	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
2Fg023	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
3Fg038	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCCTTCAC	ATCAGTAGCC
3Fg039	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
3Fg040	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
3Fg057	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
4Fg131	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
4Fg132	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
4Fg142	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
4Fg143	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
4Fg144	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
5Fg085	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
5Fg099	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
5Fg102	GGCCTACTAA	TAGCAATGCA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC
5Fg100	GGCCTACTAA	TAGCAATGGA	CTATACAGCA	GATACTACTT	TAGCTTTCAC	ATCAGTAGCC

	65	75	85	95	105	115
1Fg188	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
2Fg032	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
2Fg027	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
2Fg026	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
2Fg023	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fg038	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fg039	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fg040	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
3Fg057	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fg131	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fg132	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fg142	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fg143	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
4Fg144	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fg085	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fg099	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fg102	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC
5Fg100	TACACTTGCC	GAAACGTCCA	GTTCCGGATGA	CTTATCCGAA	ACCTACATGC	AAACGGAGCC

	125	135	145	155	165	175
1Fg188	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
2Fg032	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
2Fg027	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
2Fg026	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
2Fg023	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
3Fg038	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
3Fg039	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
3Fg040	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
3Fg057	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
4Fg131	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
4Fg132	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
4Fg142	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
4Fg143	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
4Fg144	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC

5Fg085	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
5Fg099	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
5Fg102	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC
5Fg100	TCCCTGTTTT	TCATTTGCAT	CTACTTACAC	ATTGGACGAG	GACTTTACTA	TGGCTCTTAC

	185	195	205	215	225	235
1Fg188	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
2Fg032	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
2Fg027	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
2Fg026	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
2Fg023	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
3Fg038	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
3Fg039	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
3Fg040	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
3Fg057	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
4Fg131	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
4Fg132	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
4Fg142	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTT	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
4Fg143	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
4Fg144	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
5Fg085	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
5Fg099	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
5Fg102	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC
5Fg100	CTATATAAAG	AAACCTGAAA	CACAGGAGTA	ATTCTACTAC	TAACCCTAAT	AGCAACAGCC

	245	255	265	275	285	295
1Fg188	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
2Fg032	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
2Fg027	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
2Fg026	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
2Fg023	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
3Fg038	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
3Fg039	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
3Fg040	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
3Fg057	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
4Fg131	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
4Fg132	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
4Fg142	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
4Fg143	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
4Fg144	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
5Fg085	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
5Fg099	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
5Fg102	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC
5Fg100	TTTGTAGGGT	ACGTCCCTCCC	CTGAGGACAA	ATATCATTCT	GAGGAGCAAC	CGTCATCACC

	305	315	325	335	345	355
1Fg188	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
2Fg032	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
2Fg027	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
2Fg026	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
2Fg023	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
3Fg038	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
3Fg039	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
3Fg040	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
3Fg057	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
4Fg131	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
4Fg132	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
4Fg142	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT

4Fg143	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
4Fg144	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
5Fg085	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
5Fg099	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
5Fg102	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT
5Fg100	AACTTATTCT	CAGCTATCCC	TTACATCGGA	CAAACACTTG	TAGAATGGGC	TTGAGGAGGT

....
365	375	385	395	405	415

1Fg188	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
2Fg032	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
2Fg027	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
2Fg026	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
2Fg023	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
3Fg038	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
3Fg039	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
3Fg040	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
3Fg057	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
4Fg131	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
4Fg132	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
4Fg142	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
4Fg143	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
4Fg144	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
5Fg085	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
5Fg099	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
5Fg102	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT
5Fg100	TTCTCAGTCG	ATAATCCTAC	TCTAACACGA	TTCTTCGCTC	TCCACTTTCT	ACTTCCTTTT

....
425	435	445	455	465	475

1Fg188	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
2Fg032	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAGACCGG	ATCAAACAAC
2Fg027	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAGACCGG	ATCAAACAAC
2Fg026	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
2Fg023	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fg038	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fg039	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	GCGAGACCGG	ATCAAACAAC
3Fg040	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
3Fg057	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fg131	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fg132	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fg142	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fg143	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
4Fg144	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fg085	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fg099	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fg102	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC
5Fg100	GTCATCGCAG	GTCTTACATT	CGTCCACCTA	ACTTTCCTAC	ACGAAACCGG	ATCAAACAAC

....
485	495	505	515	525	535

1Fg188	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
2Fg032	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
2Fg027	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
2Fg026	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
2Fg023	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fg038	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fg039	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fg040	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
3Fg057	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fg131	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA

4Fg132	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fg142	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fg143	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
4Fg144	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
5Fg085	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
5Fg099	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
5Fg102	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA
5Fg100	CCCCTAGGCA	TTACATCAAA	CTGTGATAAA	ATCCCATTCC	ACCCCTACTT	CTCCTCAAAA

....
545	555	565	575	585	595

1Fg188	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
2Fg032	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
2Fg027	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
2Fg026	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
2Fg023	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
3Fg038	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
3Fg039	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
3Fg040	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
3Fg057	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
4Fg131	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
4Fg132	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
4Fg142	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
4Fg143	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
4Fg144	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
5Fg085	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
5Fg099	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
5Fg102	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA
5Fg100	GATATCCTAG	GCTTCATAAC	TATACTCCTC	CCTCTCATAT	CTCTTGCCCTT	CTTCTCACCA

....
605	615	625	635	645	655

1Fg188	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
2Fg032	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
2Fg027	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
2Fg026	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
2Fg023	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
3Fg038	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
3Fg039	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
3Fg040	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
3Fg057	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
4Fg131	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
4Fg132	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
4Fg142	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
4Fg143	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
4Fg144	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
5Fg085	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
5Fg099	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
5Fg102	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT
5Fg100	AACCTTCTAG	GCGACCCAGA	AAACTTTTACA	CCCGCAAACC	CATTAGTAAC	TCCTCCCCAT

....
665	675	685	695	705	715

1Fg188	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
2Fg032	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
2Fg027	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
2Fg026	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
2Fg023	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
3Fg038	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
3Fg039	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
3Fg040	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA

3Fg057	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
4Fg131	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
4Fg132	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
4Fg142	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
4Fg143	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
4Fg144	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
5Fg085	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
5Fg099	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
5Fg102	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA
5Fg100	ATCAAACCTG	AATGATACTT	CCTATTCGCA	TATGCCATCC	TACGATCTAT	CCCAAATAAA

....
725	735	745	755	765	775

1Fg188	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
2Fg032	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
2Fg027	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
2Fg026	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
2Fg023	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
3Fg038	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
3Fg039	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
3Fg040	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
3Fg057	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
4Fg131	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
4Fg132	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
4Fg142	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
4Fg143	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
4Fg144	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
5Fg085	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
5Fg099	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
5Fg102	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA
5Fg100	CTAGGAGGAG	TCCTCGCCCT	TGCTGCCTCC	ATCCTCATCC	TATTTTTAGT	TCCATTCCTA

....
785	795	805	815	825	835

1Fg188	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
2Fg032	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
2Fg027	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
2Fg026	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
2Fg023	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
3Fg038	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
3Fg039	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCC	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
3Fg040	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
3Fg057	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
4Fg131	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
4Fg132	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
4Fg142	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
4Fg143	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
4Fg144	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
5Fg085	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
5Fg099	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
5Fg102	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT
5Fg100	CACAAATCTA	AACAACGAAC	AATAACCTTT	CGACCCCTCT	CTCAACTCAT	ATTCTGAATT

....
845	855	865	875	885	895

1Fg188	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAGT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
2Fg032	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
2Fg027	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
2Fg026	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
2Fg023	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
3Fg038	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC

3Fg039	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
3Fg040	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
3Fg057	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
4Fg131	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
4Fg132	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
4Fg142	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
4Fg143	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
4Fg144	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
5Fg085	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
5Fg099	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
5Fg102	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC
5Fg100	CTAGTTGCCA	ACCTCCTAAT	CCTCACATGA	GTAGGTGGTC	AACCAGTAGA	ACATCCATTC

....
905	915	925	935	945	955	

1Fg188	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
2Fg032	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
2Fg027	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
2Fg026	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
2Fg023	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
3Fg038	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
3Fg039	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
3Fg040	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
3Fg057	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
4Fg131	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
4Fg132	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
4Fg142	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
4Fg143	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
4Fg144	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
5Fg085	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
5Fg099	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
5Fg102	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA
5Fg100	ATCATTATCG	GCCAACTAGC	TTCAATCACC	TACTTCACCA	CCCTACTAGT	TCTATTTCCA

....
965	975	985	995

1Fg188	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
2Fg032	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
2Fg027	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
2Fg026	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
2Fg023	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
3Fg038	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
3Fg039	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
3Fg040	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
3Fg057	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
4Fg131	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
4Fg132	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
4Fg142	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
4Fg143	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
4Fg144	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
5Fg085	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
5Fg099	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
5Fg102	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA
5Fg100	ATCATTAGCA	CTTTAGAAAA	CAAGATACTC	AACCTCTAA

Anexo 4 - Matriz de alinhamento das seqüências do gene ND2 de *Formicivora grisea*

	5	15	25	35	45	55
1Fg217	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
1Fg188	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
2Fg032	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
2Fg023	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
2Fg027	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
3Fg039	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
3Fg038	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
3Fg057	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
3Fg040	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
4Fg142	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
4Fg132	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
4Fg144	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
4Fg131	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
5Fg100	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
5Fg102	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA
5Fg085	ATGAACCCCC	AAGCCAAACT	GCTTTCCATC	GCAAGCCTAT	TATTAGGAAC	AACCATCACA

	65	75	85	95	105	115
1Fg217	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
1Fg188	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
2Fg032	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
2Fg023	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
2Fg027	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
3Fg039	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
3Fg038	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
3Fg057	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
3Fg040	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
4Fg142	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
4Fg132	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
4Fg144	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
4Fg131	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
5Fg100	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
5Fg102	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC
5Fg085	ATCTCAAGCA	ACCATTGAAT	AATAGCATGA	ACCGGATTAG	AAATTAACAC	CCTAGCCATC

	125	135	145	155	165	175
1Fg217	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
1Fg188	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
2Fg032	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
2Fg023	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
2Fg027	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCAGCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fg039	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fg038	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fg057	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
3Fg040	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fg142	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fg132	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fg144	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
4Fg131	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fg100	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fg102	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC
5Fg085	CTGCCCTTA	TTTCAAAATC	CCACCACCCA	CGAGCTATCG	AAGCCGCAAC	AAAGTACTTC

	185	195	205	215	225	235
1Fg217	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
1Fg188	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
2Fg032	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GTATAATCAA	TGCATGAAAC
2Fg023	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
2Fg027	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
3Fg039	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
3Fg038	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
3Fg057	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
3Fg040	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
4Fg142	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
4Fg132	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
4Fg144	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
4Fg131	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
5Fg100	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
5Fg102	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC
5Fg085	CTAGTACAAG	CAGCTGCCTC	AGCACTACTC	TTATTTTCCA	GCATAATCAA	TGCATGAAAC

	245	255	265	275	285	295
1Fg217	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
1Fg188	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
2Fg032	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
2Fg023	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
2Fg027	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
3Fg039	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
3Fg038	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
3Fg057	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
3Fg040	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
4Fg142	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
4Fg132	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
4Fg144	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
4Fg131	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
5Fg100	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
5Fg102	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA
5Fg085	ACTGGTCAAT	GAGACATCAC	CCAATCACC	AACCCTACAT	CCTGCCTACT	TCTTACAACA

	305	315	325	335	345	355
1Fg217	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
1Fg188	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
2Fg032	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
2Fg023	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
2Fg027	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
3Fg039	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
3Fg038	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
3Fg057	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
3Fg040	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
4Fg142	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
4Fg132	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
4Fg144	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
4Fg131	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
5Fg100	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
5Fg102	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA
5Fg085	GCCATTTCAA	TTAAGCTAGG	ATTAGTCCCA	TTTCACTTCT	GATTTCCAGA	AGTCCTCCAA

	365	375	385	395	405	415
1Fg217	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
1Fg188	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA

2Fg032	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGcCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
2Fg023	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
2Fg027	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
3Fg039	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
3Fg038	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
3Fg057	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
3Fg040	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
4Fg142	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
4Fg132	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
4Fg144	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
4Fg131	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
5Fg100	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA
5Fg102	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGGA
5Fg085	GGCACATCCC	TAACCACTGG	CCTCCTACTA	GCAACCGCCC	TAAAATTCCC	ACCAACTGCA

....
425	435	445	455	465	475

1Fg217	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
1Fg188	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
2Fg032	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
2Fg023	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
2Fg027	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
3Fg039	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
3Fg038	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
3Fg057	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
3Fg040	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
4Fg142	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
4Fg132	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
4Fg144	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	CAACACTCAT	AGCAATCGCC
4Fg131	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fg100	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fg102	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC
5Fg085	TTATTTCTGC	TCACATCCCC	CTCACTCAAC	CCCAC TTTGT	TAACACTCAT	AGCAATCGCC

....
485	495	505	515	525	535

1Fg217	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
1Fg188	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
2Fg032	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
2Fg023	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
2Fg027	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fg039	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fg038	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fg057	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
3Fg040	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fg142	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fg132	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
4Fg144	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCTTAGCC
4Fg131	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fg100	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fg102	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC
5Fg085	TCAACAGCCC	TAGGTGGTTG	AGCCGGACTA	AACCAAAC TC	AAACCCGCAA	AATCCTAGCC

....
545	555	565	575	585	595

1Fg217	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
1Fg188	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
2Fg032	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
2Fg023	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
2Fg027	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
3Fg039	TTCTCCTCTA	TTTCCCAC TT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC

3Fg038	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
3Fg057	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
3Fg040	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
4Fg142	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
4Fg132	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
4Fg144	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
4Fg131	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAGCTC
5Fg100	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
5Fg102	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC
5Fg085	TTCTCCTCTA	TTTCCCACCT	AGGATGAATA	ACCATTATTC	TTATATATAA	CCCTAAACTC

....
605	615	625	635	645	655

1Fg217	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	ATATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
1Fg188	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
2Fg032	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
2Fg023	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
2Fg027	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
3Fg039	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
3Fg038	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
3Fg057	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
3Fg040	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
4Fg142	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
4Fg132	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
4Fg144	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
4Fg131	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
5Fg100	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
5Fg102	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT
5Fg085	ACCCTAATTA	CCTTCTACCT	CTATTGCCTG	ATAACAATTC	CAATTTTCCT	AACTCTTAAT

....
665	675	685	695	705	715

1Fg217	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
1Fg188	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
2Fg032	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
2Fg023	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
2Fg027	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fg039	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fg038	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fg057	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
3Fg040	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fg142	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fg132	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fg144	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
4Fg131	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fg100	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fg102	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT
5Fg085	ACAATCAAAA	CCCTAAAACCT	CACTACAATA	TCAACTGCAT	GAACAAAAAT	CCCCTCATT

....
725	735	745	755	765	775

1Fg217	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
1Fg188	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
2Fg032	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
2Fg023	ACTGCTACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
2Fg027	ACTGCTACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fg039	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fg038	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fg057	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
3Fg040	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
4Fg142	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC

4Fg132	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
4Fg144	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
4Fg131	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fg100	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fg102	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC
5Fg085	ACTGCAACCC	TCATACTCCT	ACTCTTATCC	TTAGCAGGAC	TCCCCCATT	AACAGGTTTC

	785	795	805	815	825	835
1Fg217	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
1Fg188	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
2Fg032	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCC	AACAGCAACA
2Fg023	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
2Fg027	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fg039	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fg038	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fg057	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
3Fg040	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fg142	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fg132	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fg144	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
4Fg131	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fg100	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fg102	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA
5Fg085	CTGCCAAAAAT	GACTAATTAT	CCAAGAACTA	ACCAAACAAG	AAATAACCCT	AACAGCAACA

	845	855	865	875	885	895
1Fg217	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
1Fg188	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
2Fg032	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
2Fg023	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
2Fg027	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
3Fg039	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
3Fg038	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
3Fg057	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
3Fg040	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
4Fg142	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
4Fg132	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
4Fg144	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
4Fg131	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
5Fg100	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
5Fg102	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC
5Fg085	ATCATTGCC	TTCTGTCCCT	ACTCGGACTT	TTCTTTTACC	TACGCCTTGC	CTACTGCGCC

	905	915	925	935	945	955
1Fg217	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
1Fg188	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
2Fg032	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
2Fg023	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
2Fg027	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
3Fg039	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
3Fg038	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
3Fg057	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
3Fg040	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
4Fg142	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
4Fg132	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
4Fg144	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
4Fg131	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA
5Fg100	ACAATCACCC	TCCCACCAAA	CCCTGTCAAT	CATATAAAAC	AATGACAAAC	TAGCAAATCA

5Fg102 ACAATCACCC TCCCACCAA CCCTGTCAAT CATATAAAAC AATGACAAAC TAGCAAATCA
 5Fg085 ACAATCACCC TCCCACCAA CCCTGTCAAT CATATAAAAC AATGACAAAC TAGCAAATCA

....|....||....||....||....||....||....|
 965 975 985 995 1005 1015

1Fg217 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 1Fg188 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 2Fg032 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 2Fg023 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 2Fg027 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 3Fg039 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 3Fg038 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 3Fg057 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 3Fg040 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 4Fg142 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 4Fg132 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 4Fg144 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 4Fg131 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 5Fg100 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 5Fg102 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC
 5Fg085 ACAAAATATAA CTATCACAAAC TTTTACCACC CTATCTATTA TACTCCTACC CCTTTCCCCC

....|....||....| .
 1025 1035

1Fg217 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 1Fg188 ATGATCTTCA CAATCCCCTA G
 2Fg032 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 2Fg023 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 2Fg027 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 3Fg039 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 3Fg038 ATGATCTTCA CAATCCCCTA G
 3Fg057 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 3Fg040 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 4Fg142 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 4Fg132 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 4Fg144 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 4Fg131 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G
 5Fg100 ATGATCTTCA CAATCCCCTA G
 5Fg102 ATGATCTTCA CAATCCCCTA G
 5Fg085 ATGATCTTCA CAGTCCCCTA G