



UNIVERSIDADE FEDERAL DO OESTE DO PARÁ
INSTITUTO DE CIÊNCIAS DA EDUCAÇÃO
PROGRAMA DE CIÊNCIAS NATURAIS
LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

KEVEN DOS SANTOS LIMA

**ANÁLISE DO CONSERVADORISMO FILOGENÉTICO DE NICHOS EM ESPÉCIES
DE SAMAMBAIAS DO CLADO SCALY, *MICROGRAMMA* C.PRESL
(POLYPODIACEAE)**

SANTARÉM - PA

2023

KEVEN DOS SANTOS LIMA

**ANÁLISE DO CONSERVADORISMO FILOGENÉTICO DE NICHOS EM ESPÉCIES
DE SAMAMBAIAS DO CLADO SCALY, *MICROGRAMMA* C.PRESL
(POLYPODIACEAE)**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao
colegiado do curso para obtenção do grau de
Licenciatura em Ciências Biológicas;
Universidade Federal do Oeste do Pará,
Instituto de Ciências da Educação.

Orientadora: Profa. Dra. Thaís Elias Almeida

SANTARÉM – PA

2023


KEVEN DOS SANTOS LIMA

**ANÁLISE DO CONSERVADORISMO FILOGENÉTICO DE NICHOS EM ESPÉCIES
DE SAMAMBAIAS DO CLADO SCALY, *MICROGRAMMA* C.PRESL
(POLYPODIACEAE)**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao colegiado do curso para obtenção do grau de Licenciatura em Ciências Biológicas; Universidade Federal do Oeste do Pará, Instituto de Ciências da Educação.

Conceito: Aprovado (9,7)

Data de Aprovação: 28 / 06 / 2023


Documento assinado digitalmente
 THAIS ELIAS ALMEIDA
Data: 12/07/2023 08:18:38-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dra. Thaís Elias Almeida – Orientadora
Universidade Federal de Pernambuco

Prof. Dr. Samuel Campos Gomides
Universidade Federal do Oeste do Pará
Marcelo
Leandro Bueno

Digitally signed by
Marcelo Leandro Bueno
Date: 2023.07.11 14:56:53
-04'00'

Prof. Dr. Marcelo Leandro Bueno
Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul

Documento assinado digitalmente
 SAMUEL CAMPOS GOMIDES
Data: 10/07/2023 21:54:01-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas – SIBI/Ufopa

- L732a Lima, Keven dos Santos
 Análise do conservadorismo filogenético de nicho em espécies de samambaias do clado Scaly, *Microgramma* C. Presl (Polypodiaceae)./ Keven dos Santos Lima. – Santarém, 2023.
 39 p.: il.
 Inclui bibliografias.
- Orientadora: Thaís Elias Almeida.
 Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação) – Universidade Federal do Oeste do Pará, Instituto de Ciências da Educação, Programa de Ciências Naturais, Licenciatura em Ciências Biológicas.
1. Divergência. 2. Evolução. 3. Samambaias. I. Almeida, Thaís Elias, *orient.* II. Título.

CDD: 23 ed. 587

A Maria Nilvanda, minha amada mãe, a pessoa mais forte, bondosa e carinhosa que eu conheço. Obrigado por sempre ficar do meu lado e apoiar meus estudos, mesmo sendo difícil. Você é incrível e eu lhe amo muito!

AGRADECIMENTOS

Agradeço fielmente a minha amada mãe, Maria Nilvanda Silva dos Santos, por nunca deixar faltar nada do que era necessário, por ter me ensinado a ter paciência, por sempre apoiar meu sonho de ingressar na faculdade, mesmo sendo difícil para nós; agradeço por ter me dado um sapato “all star” de presente aos meus nove anos, mesmo com pouco dinheiro em casa, obrigado por me dar o bolo de aniversário nos meus dezoitos anos de idade (esperei por toda minha infância por esse momento); muito obrigado por me ensinar a nunca desistir, você é um exemplo de superação e a pessoa que eu mais admiro.

Agradeço meu pai, Amauri de Aguiar, por estar nos momentos difíceis. Agradeço as minhas irmãs, Kelly Lima por ceder sua moradia, e Taciane Griceia por também me oferecer, caso precisasse; e ao meu irmão Jonas Lima, por estar comigo quando eu precisei. A minha Tia Marilene Aguiar e ao meu primo Junior Taveira, que sempre me ajudaram. E a todos os familiares que sempre acreditaram.

Agradeço ao meu professor de Biologia, Eloisio Farias, por me apresentar o mundo conhecendo a biologia; foi o que mais me motivou a fazer esse curso.

Agradeço a minha orientadora, Profa. Dra. Thais Elias Almeida, por me ensinar a fazer ciência, por me mostrar como podemos ir além do que imaginamos, por sempre me receber com gentileza, por sempre me incentivar e me instruir como posso melhorar mais. É uma pessoa incrível e que eu admiro muito!

Agradeço aos professores: Dra. Adelaine Michela e ao Dr. José Mauro por fazer eu me sentir tão bem acolhido (Profa. Michela, seu carinho transcende em seu olhar). São minhas inspirações de pessoas e que admiro muito, tanto profissional, quanto família.

Ao Prof. Dr. Lucas Viera Lima, por me acompanhar na cidade de Juiz de Fora ao fazer seu curso de “modelagem de nicho”. Sem sua grande ajuda e acompanhamento, certamente não teria os resultados que tenho hoje; meus sinceros agradecimentos. Também agradeço fortemente ao Dr. Vinícius Dittrich e a Bruna por nos receberem carinhosamente em sua casa em Juiz de Fora no período do curso. Foi ótimo conhecê-los, serei eternamente grato!

Aos meus amigos e grandes amigos que sempre tiveram comigo Luan; Lucas e Newton; Everthon, Gabriel, Kenned, Juscelino, Carlinhos, Luan, Dudu, Almeida; Lucas e Júlio; Marise, Mayda e a todos que também foram presentes nessa grande caminhada.

Muito especial, agradeço a Carolina do Valle, por estar comigo em todos os momentos, por me acalmar e seguir em frente comigo sempre, por ser uma pessoa esplêndida, incrível, adorável e carinhosa, por compartilhar momentos maravilhosos comigo, que certamente serão eternos em minhas memórias; e por mudar o meu mundo. Além disso, sinto que eu não seria tão grande quanto sinto que sou, se não tivesse vivido essa vida com você. Sou eternamente grato, minha querida amada!

RESUMO

Um dos grandes desafios nos estudos ecológicos e evolutivos é entender os padrões existentes na distribuição de espécies. O nicho é definido como o espaço n-dimensional que incluem características ambientais, bióticas e abióticas, onde determinada espécie pode existir. Quando as linhagens descendentes permanecem com o mesmo nicho do ancestral através de eventos de especiação, tem-se o conservadorismo filogenético de nicho. Alguns processos evolutivos podem explicar a conservação de nicho, assim como outros processos também podem explicar o porquê de não conservarem. O objetivo do trabalho é testar a conservação de nicho ambiental das espécies de samambaias do clado Scaly do gênero *Microgramma* usando modelagem de nicho em um contexto filogenético comparativo. Este é um grupo tropical com cerca de 30 espécies. As espécies do clado Scaly ocorrem em toda a região neotropical, com oito espécies. Os modelos de nicho foram construídos com base em registros de ocorrências e variáveis ambientais climáticas obtidas em repositórios online. Os modelos foram gerados usando o algoritmo MaxEnt. Foi utilizada uma árvore filogenética previamente publicada. Utilizando modelos binários, através das métricas de equivalência (D) e similaridade (I), foi calculada a sobreposição dos nichos par a par. Com estes resultados foi feito um teste de Mantel entre a sobreposição de nicho e a distância filogenética. Os modelos apresentaram altos valores de área sobre a curva ($AUC > 0,8$). Os valores de sobreposição de nicho demonstraram ser altos entre espécies de ampla distribuição e baixo entre espécies endêmicas. As correlações do teste de Mantel resultaram em valores positivos ($> 0,48$), podendo indicar que cerca de 40% da sobreposição de nicho pode ser explicada pela distância filogenética. As linhagens, em sua maioria, não apresentaram conservadorismo filogenético de nicho. Nossos resultados propõem que, provavelmente, as espécies filogeneticamente próximas podem estar competindo mais entre elas do que entre linhagens distantes. Isso pode dar indícios que, possivelmente, pode estar ocorrendo divergência de nicho por especiação alopátrica, ou que essas linhagens não estão conseguindo ter especiação por simpatria.

Palavras-chaves: Divergência. Evolução. Samambaias. Sobreposição de nicho.

ABSTRACT

One of the greatest challenges in ecological and evolutionary studies is to understand patterns in species distribution. The niche is defined as the n-dimensional space that includes environmental, biotic, and abiotic characteristics, where a given species can exist. When descendant lineages remain in the same niche as the ancestor through speciation events, we have phylogenetic niche conservatism. A variety of evolutionary processes can explain niche conservation, as well as why niches do not conserve. This work tests the environmental niche conservation of fern species of the Scaly clade of the genus *Microgramma* through niche modeling in a comparative phylogenetic context. This is a tropical group composed by around 30 species. Species of the Scaly clade occur throughout the Neotropics, with eight species. Niche models were built based on records of occurrences and climate environmental variables obtained from online repositories. The models were generated using the MaxEnt algorithm. A previously published phylogenetic tree was used. Using binary models, based on the metrics of equivalence (D) and similarity (I), the pairwise overlap of niches was calculated. With these results, a Mantel test was performed between niche overlap and phylogenetic distance. Models showed high values of the area under the curve ($AUC > 0.8$). The niche overlap values were high among widely distributed species and low among endemic species. The Mantel test correlation resulted in positive values (> 0.48), which may indicate that approximately 40% of the niche overlap can be explained by phylogenetic distance. The lineages, for the most part, did not show niche phylogenetic conservatism. Our results suggest that phylogenetically close species may compete more among themselves than between distant lineages. This may indicate that, possibly, niche divergence may be occurring through allopatric speciation, or that these lineages are not speciating by sympatry.

Keywords: Divergence. Evolution. Ferns. Niche overlap.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Distribuições potenciais de espécies de *Microgramma* do clado Scaly baseado em previsões de modelagem de nicho ambiental. Os pontos representam dados de localidade usados no desenvolvimento dos modelos para cada espécie: A. *M. dictyophylla*, B. *M. latevagans*, C. *M. nana* e D. *M. percussa* 21
- Figura 2.** Distribuições potenciais de espécies de *Microgramma* do clado Scaly baseado em previsões de modelagem de nicho ambiental. Os pontos representam dados de localidade usados no desenvolvimento dos modelos para cada espécie: A. *M. piloselloides*, B. *M. reptans*, C. *M. tecta* e D. *M. tobagensis* 22
- Figura 3.** Gráficos de dispersão mostrando a relação entre a sobreposição de nicho (*D*) (eixo x = Matrix A) e a distância patrística (eixo y = Matrix B)25
- Figura 4.** Gráficos de dispersão mostrando a relação entre a sobreposição de nicho (*I*) (eixo x = Matrix A) e a distância patrística (eixo y = Matrix B)26

LISTA DE TABELAS

Tabela 1: Espécies de <i>Microgramma</i> do clado Scaly, número de registros usados por espécie e os valores da área sob a curva obtidos do modelo calculado para cada táxon (AUC)	19
Tabela 2: Valores de sobreposição das espécies analisadas obtidos usando a métrica <i>D</i>	23
Tabela 3: Valores de sobreposição das espécies analisadas obtidos usando a métrica <i>I</i>	24
Tabela S1: DOI referentes aos arquivos baixados no GBIF	31

SUMÁRIO

RESUMO.....	14
INTRODUÇÃO.....	15
METODOLOGIA.....	18
RESULTADOS.....	20
DISCUSSÃO.....	28
CONCLUSÃO.....	32
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	33
MATERIAL SUPLEMENTAR.....	39
ANEXO.....	40
Normas da revista Evolution.....	40

Lima, K.S., Lima, L.V., Sousa, C.V.M. & Almeida, T.E. ANÁLISE DO CONSERVADORISMO FILOGENÉTICO DE NICHOS EM ESPÉCIES DE SAMAMBAIAS DO CLADO SCALY, *MICROGRAMMA* C.PRESL (POLYPODIACEAE). Artigo formatado segundo as normas do periódico científico *Evolution*¹.

¹ Instruções para autores do período disponíveis em: <https://academic.oup.com/evolut/pages/general-instructions>

**Análise do conservadorismo filogenético de nicho em espécies de samambaias do clado
Scaly, *Microgramma* C.Presl (Polypodiaceae)**

Keven dos Santos Lima^{1*}, Lucas Vieira Lima², Carolina do Valle Monteiro de Sousa¹, Thaís Elias Almeida³

¹Programa de Ciências Naturais, Universidade Federal do Oeste do Pará, Santarém, Pará, Brasil

²Programa de Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação da Natureza, Universidade Federal de Juiz de Fora, Juiz de Fora, Minas Gerais, Brasil

³Departamento de Botânica, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brasil

*Autor para correspondência: kevenlima1999@gmail.com

Contribuição dos autores: T.E.A. concebeu a ideia original do estudo. K.S.L., C.V.M.S. e T.E.A. compilaram os dados. K.S.L. e L.V.L. conduziram as análises dos dados em colaboração com os outros autores. K.S.L., C.V.M.S. e T.E.A. discutiram e contribuíram para o manuscrito final.

Agradecimentos:

Agradeço à UFOPA pela bolsa concedida para o desenvolvimento do projeto; ao CNPq pela bolsa produtividade em pesquisa concedida a TEA (processo nº 317091/2021-2); ao Dr. Vinícius Dittrich e Bruna, Dra. Adelaine Michela e Dr. José Mauro, pelo apoio e auxílio.

Resumo

Um grande desafio em estudos ecológicos e evolutivos é entender os padrões existentes na distribuição de espécies. O nicho pode definir onde determinada espécie tem chance de existir. Quando as linhagens descendentes permanecem com o mesmo nicho do ancestral após eventos de especiação, tem-se o conservadorismo filogenético de nicho. Testamos a conservação de nicho ambiental em oito espécies de samambaias do clado Scaly do gênero *Microgramma* usando modelagem de nicho em um contexto filogenético comparativo. Os modelos de nicho foram construídos com base em registros de ocorrências e variáveis ambientais climáticas gerados no algoritmo MaxEnt. Utilizando modelos binários, através das métricas de equivalência (D) e semelhança (I), foi calculada a sobreposição dos nichos par a par e utilizada uma árvore filogenética previamente publicada. Foi realizado um teste de Mantel entre a sobreposição de nicho e a distância filogenética. As correlações do teste de Mantel resultaram em valores positivos ($> 0,48$), podendo indicar que parte da sobreposição de nicho pode ser explicada pela distância filogenética. Nossos resultados propõem que, provavelmente, as espécies filogeneticamente próximas podem estar competindo mais entre elas do que entre linhagens distantes. Isso mostra indícios que, possivelmente, pode estar ocorrendo divergência de nicho por especiação alopátrica ou que essas linhagens não estão conseguindo ter especiação por simpatria.

Palavras-chaves: Divergência; Evolução; Samambaias; Sobreposição de nicho.

Introdução

Muitos estudos evolutivos tentam entender como a diversidade de organismos evoluiu e como se estabeleceram no ambiente (Suissa et al., 2021). O que determina o limite espacial, geográfico e ecológico, referente à capacidade de existência de uma espécie é o seu nicho, que pode ser definido por múltiplos fatores ambientais, bióticos e abióticos (Hutchinson, 1991). Esse é um conceito bastante utilizado para se tentar entender onde e como as espécies sobrevivem no ambiente (Suárez-Mota & Villaseñor, 2020). O espaço que tem tais fatores condicionais é chamada de nicho fundamental, porém nem sempre a espécie ocorre em todo o espaço, seja por limitação de dispersão ou competição com outros organismos, o que implica na definição do nicho realizado, sendo o espaço realmente ocupado pela espécie (Hutchinson, 1991).

Conservadorismo filogenético de nicho é o resultado de espécies e clados que mantem suas características de nicho ecológico através do tempo (Wiens et al., 2010). O grau de conservadorismo filogenético do nicho de um grupo pode variar de acordo com o ambiente e também com os fatores ambientais que as espécies podem ou não ter como limite ecológico (Cooper et al., 2011; Silva et al., 2020). Espécies filogeneticamente próximas tendem a ter o nicho ecológico semelhante ou proximamente parecido (Cooper et al., 2011; Peterson, 2011). Existem diversos mecanismos evolutivos que podem explicar o porquê de duas linhagens conservarem o nicho, como deriva genética, seleção estabilizadora, pleiotropia, fluxo gênico ou fatores bióticos (competição, herbivoria, etc.) (Cooper et al., 2010). Da mesma maneira, para as linhagens não conservarem os nichos, existe o processo de seleção que atua diante de mecanismos evolutivos que favorecem a adaptação dos organismos a ambientes diferentes, causando divergência, ou seja, a diferenciação dos nichos das espécies, assim como, existe processos ecológicos que também pode atuar na divergência dos nichos (competição, herbivoria, mudanças climáticas etc.) (Sadava et al., 2009).

Haufler et al. (2000) hipotetizaram que os processos de especiação nas samambaias diferem das regiões temperadas para as regiões tropicais. Naquelas, eventos de especiação se dariam principalmente por isolamento de populações por distância e posteriormente por surgimento de barreiras pós-zigóticas (especiação alopátrica) e que seriam eventos antigos e/ou lentos (Haufler et al. 2000). Já na região dos trópicos, a especiação poderia ocorrer primariamente por especialização ecológica, especialmente entre as epífitas, com mecanismos de isolamento pré-zigótico e gerando eventos de especiação recente e/ou rápida (Haufler et al., 2000). Nesse último caso, seria esperado que, mesmo que haja sobreposição na área de ocorrência, as espécies ocupem nichos diferentes.

A capacidade de migração (dispersão e estabelecimento) nas samambaias são mais intensas comparadas as plantas com sementes, sendo menos limitadas por barreiras geográficas e mais dependentes de microhabitats e microclima (Suissa et al., 2021). Os esporos das samambaias são minúsculos e leves, sendo capazes de viajar longas distâncias pela atmosfera (Kessler, 2010). Em samambaias homosporadas, os esporos germinam dando origem a um gametófito bissexual que pode dar origem a um esporófito por meio de reprodução intragametofítica (Haufler et al., 2016). A passagem por dois estágios de vida independente nas samambaias (gametofítico e esporofítico) pode ser importante para algumas interações ecológicas, podendo limitar a sobrevivência de algumas espécies em determinada área (Testo & Watkins, 2013; Krieg & Chambers, 2022). Hibridização, introgressão e poliploidização também são forças importantes no processo de especiação em samambaias (Haufler et al., 2000), fato que tem sido corroborado por resultados de análises filogenômicas recentes (Bloesch et al., 2022).

O gênero *Microgramma* (Polypodiaceae) é um grupo tropical de samambaias com cerca de 30 espécies, preferencialmente epífitas em florestas tropicais (Almeida 2014). Ocorre em toda a região neotropical, da Flórida à Argentina, com uma única espécie na África, Madagascar

e nas ilhas do Oceano Índico. Nos Neotrópicos, algumas espécies são amplamente distribuídas, com relativamente poucas sendo endêmicas (Almeida et al., 2021). Vários clados dentro de *Microgramma* foram recuperados nas inferências filogenéticas apresentadas por Almeida et al. (2021) e nenhum apresenta aparentemente estruturação geográfica, um padrão já esperado para samambaias, dada a ampla capacidade de dispersão do grupo (Suissa et al., 2021). Desses, o clado neotropical denominado Scaly é o que apresenta maior suporte morfológico: inclui as espécies do gênero que tem escamas subuladas ou arredondadas distribuídas ao longo das folhas (Almeida et al., 2021).

Esse clado inclui oito espécies: *M. dictyophylla* (Kunze ex Mett.) de la Sota (Amazônia), *M. latevagans* (Maxon & C.Chr.) Lellinger (Andes da Bolívia e Peru), *M. nana* (Liebm.) T.E. Almeida (Amazônia), *M. percussa* (Cav.) de la Sota (amplamente distribuída em todo o Neotrópico) *M. piloselloides* (L.) Copel. (México, América Central e Antilhas), *M. reptans* (Cav.) A.R.Sm. (México, América Central, Norte da América do Sul, em toda a região Amazônica e em disjunção com a Floresta Atlântica na Bahia), *M. tecta* (Kaulf.) Alston (endêmica da Floresta Atlântica) e *M. tobagensis* (C.Chr.) C.D.Adams & Baksh.-Com. (América Central, Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador, Guiana, Peru, Trinidad e Tobago, Venezuela) (Almeida 2014). Tendo em vista que esse clado apresenta espécies endêmicas e de ampla distribuição, ocorrendo em simpatria e alopatria em diferentes espaços ecológicos, e que foi completamente amostrado em inferências filogenéticas, ele se apresenta como grupo modelo para testar hipóteses de conservadorismo filogenético de nicho e especialização ecológica em espécies tropicais. O objetivo geral desse trabalho é investigar a conservação de nicho ambiental das espécies do clado Scaly do gênero *Microgramma*, usando modelagem de nicho em um contexto filogenético comparativo, para identificar se houve conservadorismo de nicho entre essas espécies ou se houve convergência. Espera-se entender melhor o contexto evolutivo biogeográfico dessas espécies, principalmente entre espécies proximalmente relacionadas.

Material e Métodos

Foram utilizadas oito espécies de *Microgramma* pertencentes ao clado Scaly, utilizando a árvore filogenética resultante das análises de Almeida et al. (2021). As espécies utilizadas foram *Microgramma dictyophylla*, *M. latevagans*, *M. nana*, *M. percussa*, *M. piloselloides*, *M. reptans*, *M. tecta* e *M. tobagensis* (Tabela 1). Os dados de ocorrência das espécies foram obtidos de Almeida (2014) e posteriormente foram complementadas com novas buscas para se obter registros mais recentes. As buscas foram feitas através dos repositórios Global Biodiversity Information Facility (GBIF - <https://www.gbif.org/>) (Tabela S1), SpeciesLink (<https://specieslink.net/>) e do Herbário Virtual Reflora (<http://reflora.jbrj.gov.br/reflora/herbarioVirtual/ConsultaPublicoHVUC/ConsultaPublicoHVUC.do>). Foram removidas todas as coletas duplicadas, e os registros foram checados para identificação taxonômica, onde foram retirados, pela impossibilidade de identificação, aqueles dados identificados apenas até nível de gênero. Além disso, foi feita correção e limpeza de coordenadas geográficas, sendo atribuídas coordenadas para aqueles pontos que tinham uma descrição de ocorrência clara dos locais de coleta, utilizando ferramentas como Google Earth, Google Maps e software Quantum GIS 3.16 (2022). Os dados sem determinação geográfica confiável foram removidos.

Foram utilizadas 19 variáveis ambientais da base de dados CHELSA - *Climatologies at high resolution for the earth's land surface areas*, sendo elas temperatura média anual, faixa diurna média, isotermalidade, sazonalidade da temperatura, temperatura máxima do mês mais quente, temperatura mínima do mês mais frio, faixa anual de temperatura, temperatura média do trimestre mais úmido, temperatura média do trimestre mais seco, temperatura média mais quente, temperatura média do trimestre mais frio, precipitação anual, precipitação do mês mais chuvoso, precipitação do mês mais seco, sazonalidade da precipitação, precipitação do trimestre

mais úmido, precipitação do trimestre mais seco, precipitação do trimestre mais quente e precipitação do trimestre mais frio (Karger et al., 2017). Além dessas, foram utilizadas outras variáveis como cobertura de nuvens (sazonalidade e média anual) (Wilson & Jetz 2016), Enhanced Vegetation Index – EVI (amplitude e dissimilaridade - Jiang et al., 2008), Global elevation (Fick & Hijmans 2017) e SRTM - Shuttle Radar Topography Mission. As camadas foram reamostradas para uma resolução de 30 segundos de arco (~ 1 km), utilizando-se uma máscara para o Neotrópico cortada através do software ArcGis10.3.1 (2015). Para remover colinearidade entre as variáveis ambientais (variáveis correlacionadas), foi calculado o VIF (Fator de Inflação de Variância) através da função “vifcor” do pacote R usdm (Naimi 2015), com o valor de corte de 0,7 (Pradhan & Setyawan, 2021).

O MaxEnt foi o algoritmo utilizado para estimar a distribuição geográfica das espécies a partir dos pontos de ocorrência, sendo muito usado nos estudos de modelagem de nicho, principalmente quando se usa pontos de presença (Phillips et al., 2006). Esse algoritmo é capaz de prever a disponibilidade de hábitat para a espécie (Giovanelli et al., 2008). Foram utilizados 75% dos registros como treino para construção do modelo e 25% como teste para validação. Foram importados modelos binários, e para gerar os modelos com resolução para comparação de nicho, a configuração de limiar utilizada foi o treinamento de sensibilidade máxima mais especificada, onde foram feitas 10 replicações dos modelos de cada espécie (Liu et al., 2021). A avaliação dos modelos foi feita usando os valores ROC (receiver operating characteristics) da área sob a curva (AUC), avaliando a eficácia dos modelos usando valores maiores que 0,7 como indicadores de bom desempenho do modelo (Manel et al., 2001; Elith et al., 2011), junto à avaliação visual para reconhecer as áreas dos modelos, para uma validação confiável tanto do ponto de vista estatístico, quanto biológico.

Para avaliar a conservação ou divergência de nicho entre as espécies, foi calculada a sobreposição de nicho par a par dos modelos binários. Para isso foram avaliados os índices de

equivalência (D) e similaridade (I) propostos pelos testes de Warren et al. (2008, 2010). Os valores desses índices podem variar de 0, indicando que não há sobreposição, e 1, indicando que há sobreposição completa de nicho entre os modelos comparados (Warren, 2010). Os dados foram analisados usando o conjunto de ferramentas BioDinamica (Oliveira et al., 2019) implementado no Software Dinamica-EGO (Soares-Filho et al., 2013). Usamos a função Niche Overlap (Sobreposição de nicho) inserindo os arquivos de mapa binário.

Testamos a correlação entre a distância de nicho e a distância filogenética patrística. A distância patrística foi calculada baseada na árvore resultante da Inferência Bayesiana apresentada por Almeida et al. (2021), através da função *cophenetic* do pacote Ape v. 5.7 (Paradis & Schliep, 2019). A partir dos resultados foi construída uma matriz de distância filogenética par a par. A correlação entre a distância de nicho e a distância filogenética foi testada através de um teste de Mantel usando o pacote vegan (Oskanen et al., 2019). Todas as análises foram feitas em R v. 4.2.1 (R Core Team, 2022) através do RStudio v. 2023.03.1+446 (Posit Team, 2023).

Resultados

Inicialmente foram obtidos 12.998 registros, e após a filtragem dos dados, foram utilizados 3.540 registros para as análises. Posteriormente verificou-se que todas as espécies tinham números de registros adequados para a construção dos modelos, acima de dez pontos (Tabela 1). Além disso, entre as 25 camadas ambientais obtidas, após o teste de correlação de variáveis, foram utilizadas 11 camadas para as análises (Bio02 = Faixa diurna média; Bio03 = Isotermalidade; Bio08 = temperatura média do trimestre mais úmido; Bio14 = Precipitação do mês mais seco; Bio15 = Sazonalidade da precipitação (coeficiente de variação); Bio18 = Precipitação do trimestre mais quente; Bio19 = Precipitação do trimestre mais frio; Cloud seasonality = Cobertura de nuvem sazonal; dissimilaridade = EVI dissimilarity; gloelev =

elevação global; modelo digital de elevação do terreno = SRTM). Os modelos gerados pelo MaxEnt demonstraram bons desempenhos com altos valores de AUC (>0,8) (Tabela 1).

Tabela 1: Espécies de *Microgramma* do clado Scaly, número de registros usados por espécie e os valores da área sob a curva obtidos do modelo calculado para cada táxon (AUC).

Espécies	Nº de registros	AUC
<i>Microgramma dictyophylla</i> (Kunze ex Mett.) de la Sota	357	0.932
<i>Microgramma latevagans</i> (Maxon & C.Chr.) Lellinger	18	0.989
<i>Microgramma nana</i> (Liebm.) T.E.Almeida	110	0.847
<i>Microgramma percussa</i> (Cav.) de la Sota	1742	0.857
<i>Microgramma piloselloides</i> (L.) Copel.	276	0.967
<i>Microgramma reptans</i> (Cav.) A.R.Sm.	776	0.893
<i>Microgramma tecta</i> (Kaulf.) Alston	142	0.979
<i>Microgramma tobagensis</i> (C.Chr.) C.D.Adams & Baksh.-Com.	119	0.95

A espécie *Microgramma dictyophylla* é encontrada no norte da América do Sul, preferencialmente em florestas de terras baixas amazônicas (Figura 1A). O modelo dessa espécie recuperou áreas de adequabilidade coincidentes com a área de ocorrência e além disso indicou áreas de adequabilidade ambiental na América Central e Caribe, além de uma pequena faixa litorânea no nordeste brasileiro, onde a espécie não ocorre (Figura 1A). *Microgramma latevagans* é a única espécie do clado com preferência de ocorrência em áreas de elevadas altitudes, ocorrendo nos Andes na Bolívia, Equador e Peru. Obteve um modelo resultante com área de adequabilidade ambiental nas regiões montanhosas do Sudeste e Sul do Brasil (especialmente no Planalto do Itatiaia), onde esta espécie não ocorre (Figura 1B). A espécie *M. nana*, ocorrente na região amazônica, mostrou áreas de adequabilidade no leste da América do

Sul, onde não há registro da espécie (Figura 1C). *Microgramma percussa* é uma espécie amplamente distribuída no Neotrópico, sendo a espécie com maior área de ocorrência dentro do clado. Seu modelo não apresentou expansões significativas (Figura 1D).

Já a espécie *M. piloselloides* ocorre na América Central, nas Antilhas e no México. Seu modelo apresentou áreas de adequabilidade nas regiões Andinas no Peru e na Bolívia, e em algumas áreas na Amazônia e também áreas para o leste do Brasil, onde a espécie não ocorre (Figura 2A). *Microgramma reptans* é uma espécie que ocorre em ampla distribuição na América Central, no México até a Bolívia, no Norte da Amazônia e em disjunção na Floresta Atlântica da Bahia. Seu modelo não apresentou expansões tão significativas (Figura 2B). *Microgramma tecta* é a única espécie do clado endêmica na Floresta Atlântica. Obteve um modelo resultante com uma pequena área de adequabilidade ambiental na região Andina, na Bolívia, onde esta espécie não ocorre (Figura 2C). Já a espécie *M. tobagensis* ocorre na América Central, com extensões no Peru e Bolívia, também em áreas no Norte da América do Sul, como na Guiana, Trindade e Tobago, além de ocorrer em disjunção com a Floresta Atlântica da Bahia. Obteve um modelo resultante com áreas de adequabilidade um pouco mais extenso na Amazônia, mais especificamente no oeste do Brasil (Figura 2D).

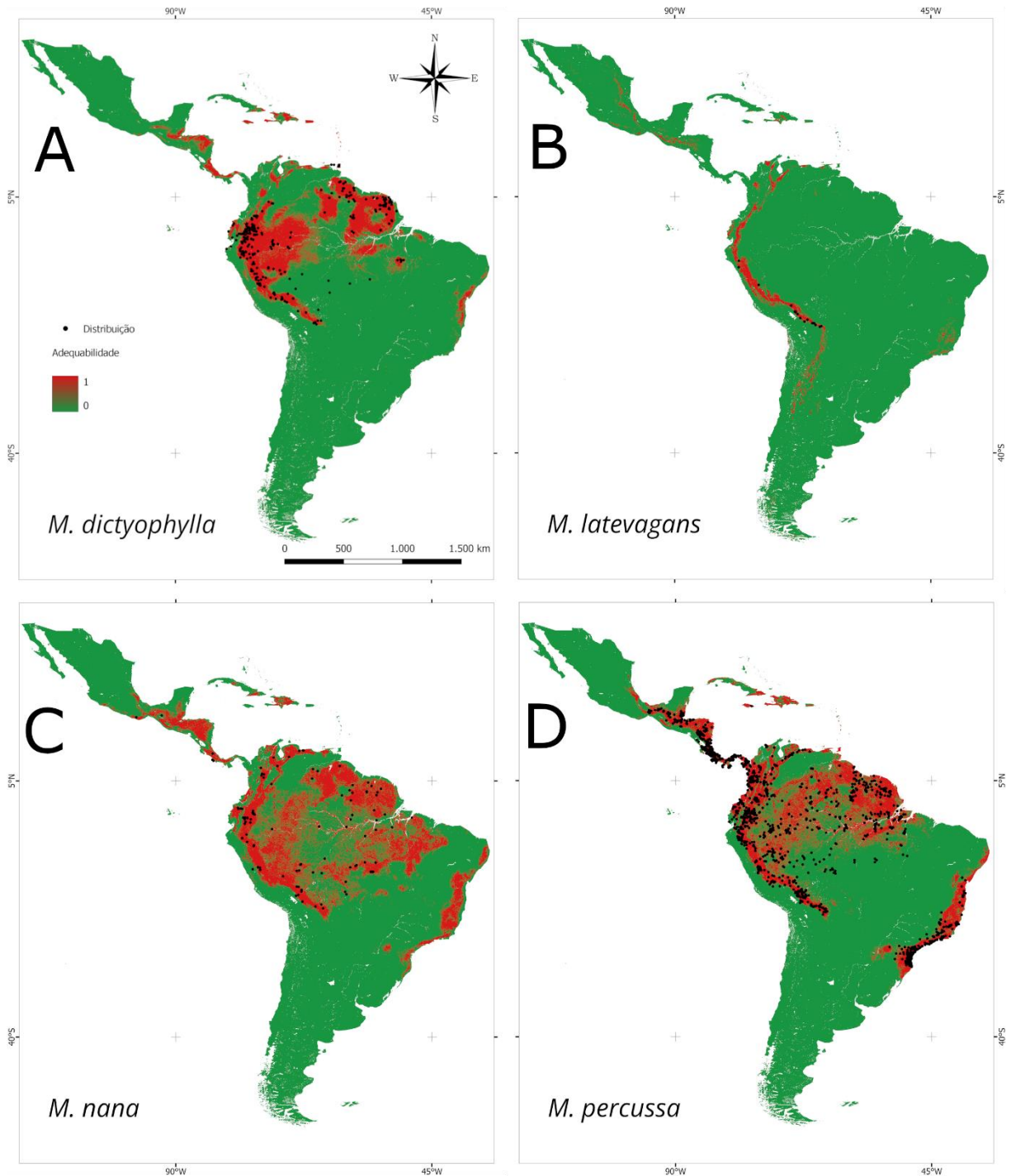


Figura 1: Mapas binários resultantes dos modelos de espécies de *Microgramma* do clado Scaly baseado em previsões de modelagem de nicho ambiental. Áreas em vermelho representam áreas de adequabilidade, enquanto áreas em verde representam ausência de adequabilidade. Os pontos representam registros usados na construção dos modelos para cada espécie. A. *M. dictyophylla*. B. *M. latevagans*. C. *M. nana*. e D. *M. percussa*.

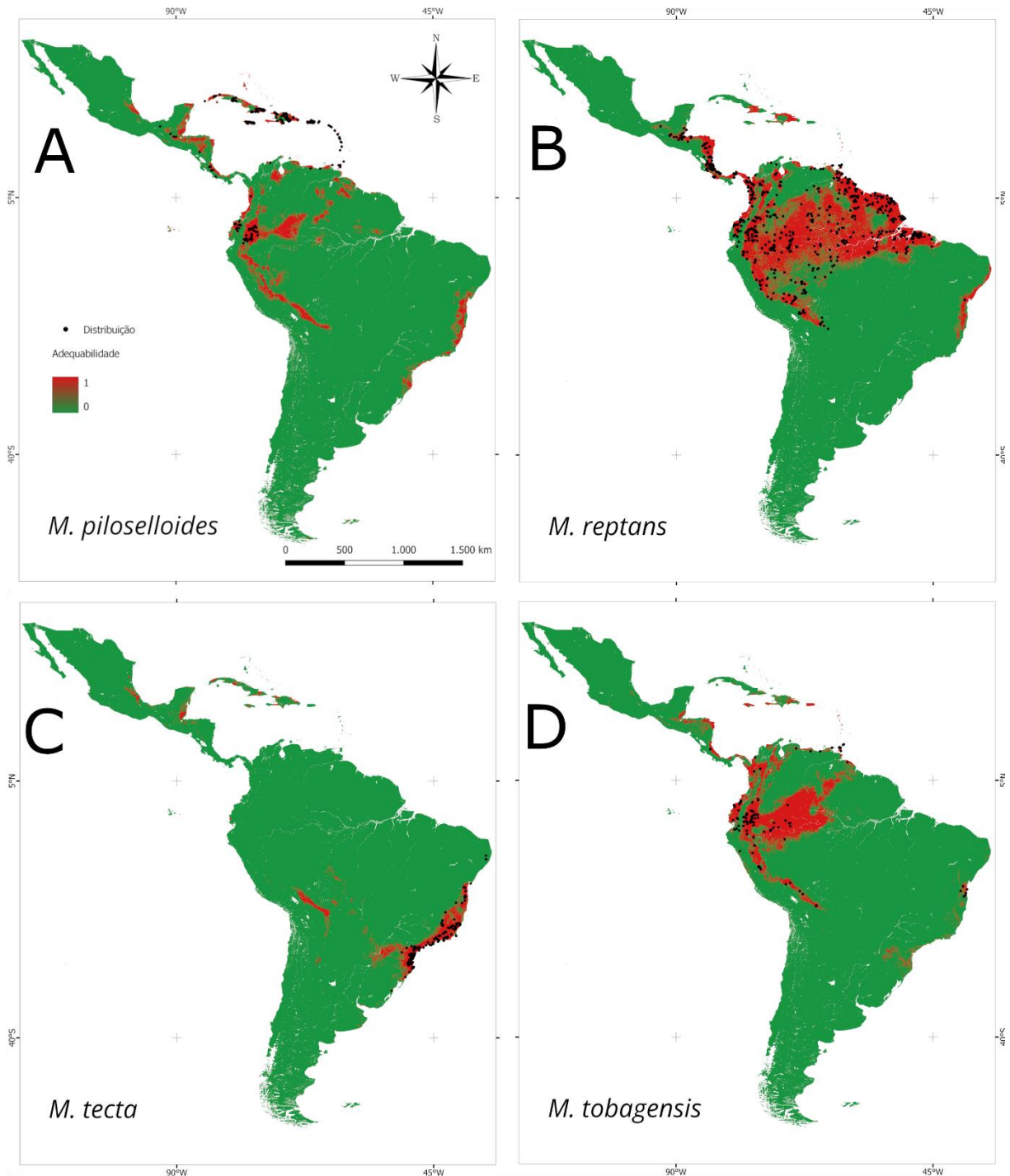


Figura 2: Mapas binários resultantes dos modelos de espécies de *Microgramma* do clado Scaly baseado em previsões de modelagem de nicho ambiental. Áreas em vermelho representam áreas de adequabilidade, enquanto áreas em verde representam ausência de adequabilidade. Os pontos representam registros usados na construção dos modelos para cada espécie. A. *M. piloselloides*, B. *M. reptans*. C. *M. tecta*. e D. *M. tobagensis*.

Tabela 2–Valores de sobreposição das espécies analisadas obtidos usando a métrica *D*

SPECIES	<i>M. dictyophylla</i>	<i>M. latevagans</i>	<i>M. nana</i>	<i>M. percussa</i>	<i>M. piloselloides</i>	<i>M. reptans</i>	<i>M. tecta</i>	<i>M. tobagensis</i>
<i>M. dictyophylla</i>	1.00	0.06	0.49	0.55	0.28	0.58	0.03	0.43
<i>M. latevagans</i>	0.06	1.00	0.06	0.06	0.10	0.02	0.12	0.07
<i>M. nana</i>	0.49	0.06	1.00	0.66	0.20	0.54	0.07	0.26
<i>M. percussa</i>	0.55	0.06	0.66	1.00	0.26	0.69	0.13	0.33
<i>M. piloselloides</i>	0.28	0.10	0.20	0.26	1.00	0.20	0.18	0.41
<i>M. reptans</i>	0.58	0.02	0.54	0.69	0.20	1.00	0.03	0.36
<i>M. tecta</i>	0.03	0.12	0.07	0.13	0.18	0.03	1.00	0.07
<i>M. tobagensis</i>	0.43	0.07	0.26	0.33	0.41	0.36	0.07	1.00

Os resultados da análise de sobreposição de nicho (métrica de equivalência - *D*) mostraram que o modelo de *M. dictyophylla* obteve percentagens de sobreposição de 58% com *M. reptans*, 55% com *M. percussa*, 49% com *M. nana*, 43% com *M. tobagensis*, 28% com *M. piloselloides*, 6% com *M. latevagans* e 3% com *M. tecta*. Já o modelo de *M. latevagans*, mostrou percentagem de sobreposição de 12% com *M. tecta*, 10% com *M. piloselloides*, 7% com *M. tobagensis*, 6% com *M. nana*, 6% com *M. percussa* e 2% com *M. reptans*. O modelo de *M. nana* apresentou percentagem de sobreposição de 66% com *M. percussa*, 54% com *M. reptans*, 26% com *M. tobagensis*, 20% com *M. piloselloides* e 7% com *M. tecta*. Os resultados de *M. percussa* mostram sobreposição de 69% com *M. reptans*, 33% com *M. tobagensis*, 26% com *M. piloselloides* e 13% com *M. tecta*. Já *M. piloselloides* mostrou resultados de 41% com *M. tobagensis*, 20% com *M. reptans*, 18% com *M. tecta*. *Microgramma reptans* apresentou percentagens de sobreposição de nicho de 36% com *M. tobagensis* e 3% com *M. tecta*. Já *Microgramma tecta* apresentou resultado de 7% com *M. tobagensis* (Tabela 2).

Tabela 3–Valores de sobreposição das espécies analisadas obtidos usando a métrica *I*

SPECIES	<i>M. dictyophylla</i>	<i>M. latevagans</i>	<i>M. nana</i>	<i>M.percussa</i>	<i>M. piloselloides</i>	<i>M. reptans</i>	<i>M. tecta</i>	<i>M. tobagensis</i>
<i>M. dictyophylla</i>	1.00	0.13	0.60	0.65	0.44	0.69	0.07	0.55
<i>M. latevagans</i>	0.13	1.00	0.16	0.17	0.15	0.05	0.13	0.13
<i>M. nana</i>	0.60	0.16	1.00	0.69	0.38	0.56	0.19	0.41
<i>M. percussa</i>	0.65	0.17	0.69	1.00	0.47	0.69	0.32	0.50
<i>M. piloselloides</i>	0.44	0.15	0.38	0.47	1.00	0.36	0.25	0.49
<i>M. reptans</i>	0.69	0.05	0.56	0.69	0.36	1.00	0.06	0.55
<i>M. tecta</i>	0.07	0.13	0.19	0.32	0.25	0.06	1.00	0.12
<i>M. tobagensis</i>	0.55	0.13	0.41	0.50	0.49	0.55	0.12	1.00

Os resultados de sobreposição de nicho (métrica de semelhança - *I*) mostraram que o modelo de *M. dictyophylla* obteve porcentagens de 69% com *M. reptans*, 65% com *M. percussa*, 60% com *M. nana*, 55% com *M. tobagensis*, 44% com *M. piloselloides*, 13% com *M. latevagans* e 7% com *M. tecta*. Já o modelo de *M. latevagans*, mostrou porcentagem de sobreposição de 17% com *M. percussa*, 16% com *M. nana*, 15% com *M. piloselloides*, 13% com *M. tecta* e *M. tobagensis*, e 5% com *M. reptans*. O modelo de *M. nana* apresentou porcentagem de 69% de sobreposição com *M. percussa*, 56% com *M. reptans*, 41% com *M. tobagensis*, 38% com *M. piloselloides* e 19% com *M. tecta* e. Os resultados de *M. percussa* mostram sobreposição de 69% com *M. reptans*, 50% com *M. tobagensis*, 47% com *M. piloselloides* e 32% com *M. tecta*. Já *M. piloselloides* mostrou resultados de 49% com *M. tobagensis*, 36% com *M. reptans* e 25% com *M. tecta* e. O teste de sobreposição de *M. reptans* apresentou porcentagens de 55% com *M. tobagensis* e 6% com *M. tecta*. Já *M. tecta* apresentou porcentagem de 12% com *M. tobagensis* (Tabela 3).

O teste de Mantel indicou que houve correlação significativa entre a sobreposição de nicho e a distância filogenética patrística, tanto para a métrica D (Mantel $r^2 = 0,515$, $P = 0,004$) (Figura 3) quanto para a métrica I (Mantel $r^2 = 0,486$, $P = 0,008$) (Figura 4).

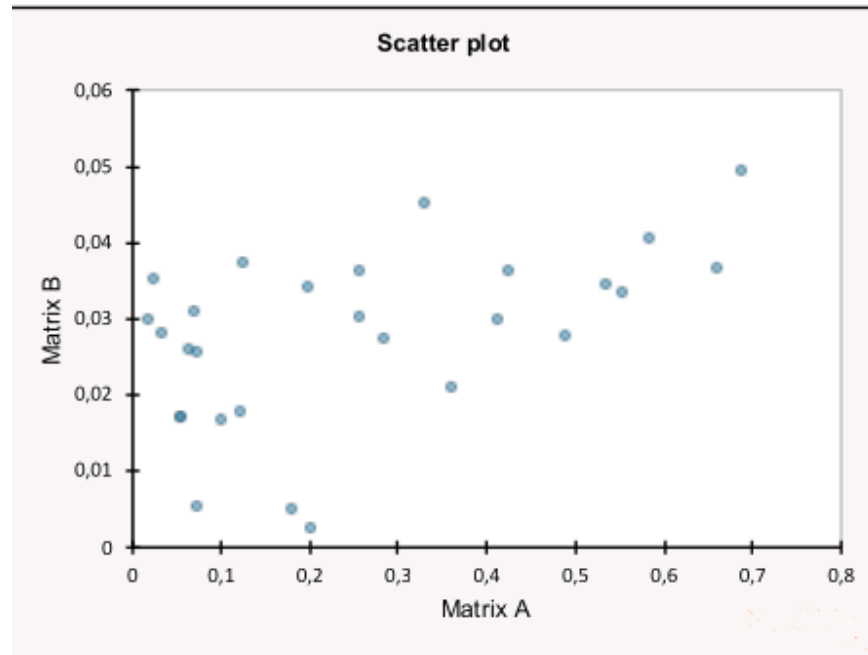


Figura 3: Gráficos de dispersão mostrando a relação entre a sobreposição de nicho (D) (Matrix A) e a distância patrística (Matrix B).

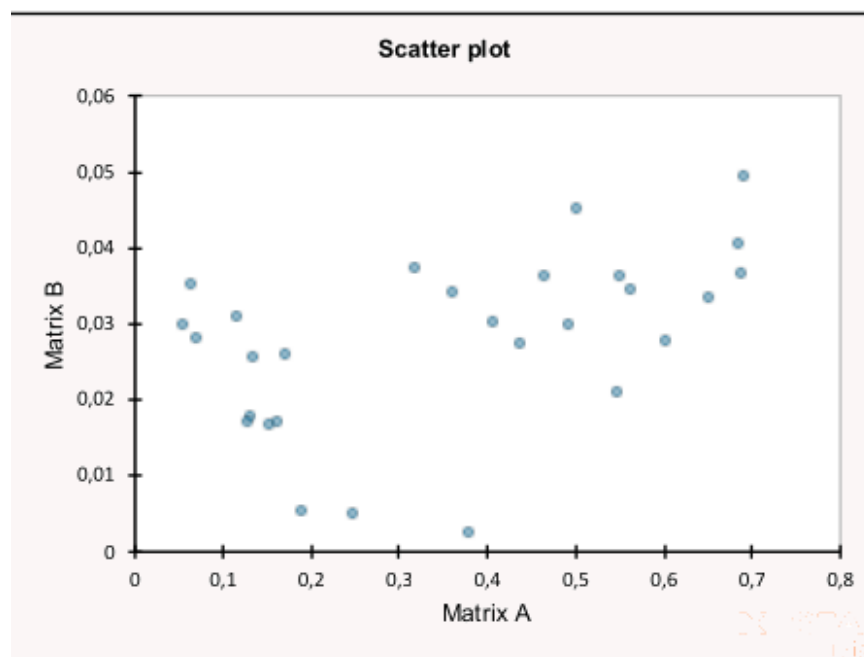


Figura 4: Gráfico de dispersão mostrando a relação entre a sobreposição de nicho (*I*) (Matrix A) e a distância patrística (Matrix B).

Discussão

Nossos resultados mostram que as espécies do clado Scaly, de maneira geral, tiveram pouco conservadorismo de nicho filogenético, evidenciando a possível existência de divergência de nicho em partes dessas linhagens. A capacidade de dispersão das samambaias pode proporcionar a exploração de mais áreas ambientais (Suissa et al., 2021; Lima et al. 2021). Ao longo do tempo, espécies podem não conseguir mais interagir entre toda população, podendo causar diferenças e uma possivelmente divisão do grupo, seja por mudanças geográficas, mudanças climáticas ou mudanças biológicas (Haufler et al., 2000; Sadava et al., 2009; Testo & Watkins, 2013). Nesse sentido, isso pode indicar que, possivelmente, pode estar ocorrendo divergência de nicho por especiação alopátrica, ou que algumas linhagens não estão conseguindo ter especiação por simpatria em razão de processos ecológicos, como uma provável competição de nicho entre o grupo. Dessa maneira, as espécies podem estar apresentando baixa sobreposição de nicho entre espécies próximas do clado Scaly.

A razão para a diminuição dos números de registros após a filtragem reflete diretamente a existência de registros sem coordenadas geográficas, sem descrição de localização e registros duplicados. Além disso, os registros duplicados podem ter aumentado ainda mais em virtude da busca em três repositórios de dados diferentes, podendo ter baixado o mesmo registro de coleta mais de uma vez. Os modelos resultantes do MaxEnt foram robustos, apenas três modelos tiveram valores de AUC abaixo de 0,9 (mas ainda acima de 0,8), foram referentes às espécies *M. nana* (0.847), *M. percussa* (0.857) e *M. reptans* (0.893) (Tabela 1).

As comparações paramétricas dos nichos atuais apresentaram baixos valores de sobreposição de nicho, e de maneira geral, os valores das métricas de equivalência (*D*) e semelhança (*I*) não apresentaram grandes diferenças entre as duas. Nenhum dos modelos comparados obtiveram porcentagem acima de 70% de sobreposição de nicho (Tabela 2 e 3). Os modelos com porcentagens acima de 50% de sobreposição ocorreram apenas entre as espécies com distribuição mais ampla, como *M. dictyophylla*, *M. nana*, *M. percussa* e *M. reptans*. Isso pode indicar que essas espécies podem não estar em competição por espaço, mas sim que elas podem estar compartimentalizadas em espaços ambientais ecológicos distintos na floresta, ou seja, usando recursos ambientais diferentes. Já os modelos com menores porcentagens, foram espécies endêmicas, como *M. latevagans* (Regiões Andinas no Peru e Bolívia) e *M. tecta* (Floresta Atlântica). Os modelos de *M. piloselloides* e os de *M. tobagensis* tiveram baixas porcentagens, obtendo o valor mais alto, quando comparadas entre ambas as espécies, e *M. tobagensis* com *M. dictyophylla* (Tabelas 2 e 3).

Os resultados do teste de Mantel mostraram que houve relação significativa entre a sobreposição de nicho e a distância filogenética patrística com valores positivos de 51% de correlação, usando a métrica *D*, e 48% de correlação usando a métrica *I*, podendo indicar que mais de 40% da sobreposição de nicho pode ser explicada pela distância filogenética, mostrando que, quando maior a sobreposição de nicho, maior tenderá ser a distância filogenética; caso

contrário, quando menor a sobreposição de nicho, menor tenderá ser a distância filogenética (Figura 3 e 4). Nesse sentido, existe a possibilidade de espécies filogeneticamente próximas estarem em maior competição do que, aparentemente, estão as espécies distantes, podendo estar relacionado a algum fator de uso do recurso ambiental herdado do nicho ancestral. As espécies próximas tendem a ter o nicho parecido, entretanto é improvável que espécies diferentes tenham nichos semelhante por completo, ou seja, que usem 100% dos mesmos recursos (Hutchinson, 1991; Wiens et al., 2010).

Apesar do foco do nosso estudo não ser a circunscrição das espécies, os dados inéditos dos nichos podem proporcionar essa discussão. No trabalho de Almeida et al. (2021), os dois espécimes de *M. tobagensis* amostrados se posicionaram em dois clados distintos, podendo indicar o não monofiletismo dessa linhagem. O espécime andino (Peru) foi recuperado como irmão de *M. piloselloides* e o espécime brasileiro (Bahia) em outro clado como irmão de *M. reptans* (Almeida et al., 2021). Quando observamos os modelos dos nichos gerados, percebe-se que há padrões de áreas de adequabilidade semelhantes entre *M. piloselloides* e *M. tobagensis*, e quando comparamos os modelos de *M. reptans* com *M. tobagensis* também se percebe semelhanças, porém de maneira que o nicho de *M. reptans* sobrepõe o nicho de *M. tobagensis* (Figura 2A, 2B e 2D).

Considerar que *M. reptans* ocorre em simpatria com *M. tobagensis* pode não ser convincente, avaliando o polifiletismo na árvore e o grau de similaridade considerável entre os nichos de *M. tobagensis* e *M. piloselloides*. Por outro lado, pode ser indicado uma possível especiação alopátrica, se levarmos em consideração que à medida que espécies “parentais” exibem uma subestrutura geográfica em um local específico, existem chances dessa população ter um subconjunto filogenético restrito, ocasionando na perda de alelos sob deriva em uma taxa mais rápida do que o resto da população parental (Funk & Omland, 2003), ou seja, se a mesma população tiver grupos distantes, o grupo periférico pode sofrer uma interação maior

entre si mesmo, podendo ter taxas mais rápidas de diferenciação gênica. Pela ocorrência em disjunção de *Microgramma tobagensis*, a existência dessa possibilidade talvez possa ser considerada. Mais estudos a nível populacional são necessários para se entender melhor e definir a filogenia desse grupo. Estudos morfométricos ou de genética populacional são indicados para casos complexo como esse.

Microgramma nana é amplamente distribuída na região Amazônica e norte da América do Sul. O modelo desta recuperou, em parte, áreas de adequabilidade no leste do Brasil, onde essa espécie não é ocorrente (Figura 1C). Por outro lado, essa é a área de ocorrência real da espécie *M. tecta*, endêmica da Floresta Atlântica (Figura 2C). Por muito tempo *M. nana* foi considerada uma variedade de *M. tecta*, (*Microgramma tecta* var. *nana* (Liebm.) Mickel & Beitel), por conta da semelhança morfológica entre as duas espécies, mas depois foram reconhecidas suas diferenças morfológicas e principalmente geográficas (Almeida, 2014). Apesar dessas duas espécies não serem tão próximas quanto esperado (Almeida et al., 2021), a discussão mais eminente pode sugerir que a distribuição real da espécie *M. nana* (nicho realizado) pode apresentar uma delimitação por algum padrão ecológico, como competição, impedindo-a de se estabelecer no mesmo ambiente que *M. tecta*, ou seja também na Floresta Atlântica. No caso das samambaias, o problema de competição é ainda mais intenso, devido a passagem por dois estágios de vida independente (gametofítico e esporofítico) (Testo & Watkins, 2013; Krieg & Chambers, 2022). Vale ressaltar que a porcentagem de sobreposição de nicho de *M. tecta* foi baixo com todas as espécies do clado, incluindo *M. nana*. Nesse sentido, uma hipótese alternativa seria considerar que essas espécies podem ter convergência morfológica (Knouft et al., 2006).

Microgramma latevagans não apresentou sobreposição de nicho com nenhuma outra espécie do clado. Entretanto, a espécie basal do gênero, *Microgramma rosmarinifolia* (não pertencente ao clado Scaly), tem registros de coletas em ambientes similares aos de ocorrência

de *M. latevagans*. Apesar de não ter uma explicação tão clara para nichos semelhantes entre linhagem distantes, existem duas principais possibilidades, podendo ser conservadorismo de nicho ou convergência a longo prazo (Knouft et al., 2006). *Microgramma rosmarinifolia* é uma espécie rara, com poucos registros em herbários (Almeida, 2014). Isso mostra que mais estudos evolutivos e biogeográficos para todo o gênero de *Microgramma* são necessários para se entender melhor qual é a relação entre os nichos dessas espécies com suas filogenias, e como isso pôde ou pode impactar no surgimento de novas áreas de adequabilidade, ou como contribui para manter outras.

Microgramma dictyoplylla teve parcialmente sobreposição de nicho com espécies que são amplamente distribuídas como *M. nana*, *M. percussa* e *M. reptans*. O modelo de *M. percussa* teve adequabilidade que sobrepôs em parte ou completamente toda a área das outras espécies, resultado já era esperado por ser uma espécie com ampla distribuição. É digno de nota que o resultado do teste de Mantel, com valor de alta relação ($> 40\%$), nos permite presumir que as espécies de ampla distribuição do clado Scaly, de alguma forma, podem estar ocorrendo em ambientes parecidos, porém não necessariamente disputando os mesmos recursos.

Conclusão

Concluiu-se que as espécies do clado Scaly, em sua maioria, não obtiveram conservadorismo filogenético de nicho muito evidentes. Nossos resultados propõem que, provavelmente, as espécies filogeneticamente próximas, podem estar competindo mais entre elas do que entre linhagens distantes. Isso pode dar indícios que, possivelmente, pode estar ocorrendo divergência de nicho por especiação alopátrica, ou que essas linhagens não estão conseguindo ter especiação por simpatria em razão da competição pelo recurso ambiental. As espécies de ampla distribuição, indicam ter maior sobreposição de nicho e ter maior distância filogenética. Espécies mais distante podem ter a tendência de não precisarem dos mesmos

recursos ambientais, e por esse motivo, talvez possam ocorrer em ambientes semelhantes, mas sem estarem em competição ou, também é possível que talvez possam estar ocorrendo convergência de nicho ao longo tempo. Neste trabalho testamos o algoritmo MaxEnt, e testes de outros algoritmos podem ajudar a corroborar nossos resultados. Visto isso, a análise das variáveis ambientais climáticas que mais influenciaram ou tiveram mais relevância na construção dos modelos de nichos ambientais também pode ser relevante para nossas análises.

REFERÊNCIAS

- Almeida, T. E. (2014). Systematic studies in the genus *Microgramma* C. Presl (Polypodiaceae-Polypodiopsida). *Unpublished D. Phil. Thesis, Universidade Federal de Minas Gerais*.
- Almeida, T. E., Salino, A., Dubuisson, J. Y., & Hennequin, S. (2021). Insights into long-distance dispersal and ecological and morphological evolution in the fern genus *Microgramma* from phylogenetic inference. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 196(3), 294-312. doi.org/10.1093/botlinnean/boaa107.
- Bloesch, Z., Nauheimer, L., Almeida, T. E., Crayn, D., & Field, A. R. (2022). HybPhaser identifies hybrid evolution in Australian Thelypteridaceae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 173, 107526. doi.org/10.1016/j.ympev.2022.107526.
- Cooper, N., Jetz, W., & Freckleton, R. P. (2010). Phylogenetic comparative approaches for studying niche conservatism. *Journal of evolutionary biology*, 23(12), 2529-2539. doi.org/10.1111/j.1420-9101.2010.02144.x.
- Cooper, N., Freckleton, R. P., & Jetz, W. (2011). Phylogenetic conservatism of environmental niches in mammals. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 278(1716), 2384-2391. doi.org/10.1098/rspb.2010.2207.

- da Silva, D., Aires, A. E., Zurano, J. P., Olalla-Tárraga, M. A., & Martinez, P. A. (2020). Changing only slowly: the role of phylogenetic niche conservatism in Caviidae (Rodentia) speciation. *Journal of Mammalian Evolution*, *27*, 713-721. doi.org/10.1007/s10914-020-09501-0.
- Elith, J., Phillips, S. J., Hastie, T., Dudík, M., Chee, Y. E., & Yates, C. J. (2011). A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Diversity and distributions*, *17*(1), 43-57. doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x.
- Fick, S. E., & Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: new 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International journal of climatology*, *37*(12), 4302-4315. doi.org/10.1002/joc.5086.
- Funk, D. J., & Omland, K. E. (2003). Species-level paraphyly and polyphyly: frequency, causes, and consequences, with insights from animal mitochondrial DNA. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, *34*(1), 397-423. doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.34.011802.132421.
- Giovanelli, J. G., Haddad, C. F., & Alexandrino, J. (2008). Predicting the potential distribution of the alien invasive American bullfrog (*Lithobates catesbeianus*) in Brazil. *Biological Invasions*, *10*, 585-590. doi10.1007/s10530-007-9154-5
- Haufler, C. H., Hooper, E. A., & Therrien, J. P. (2000). Modes and mechanisms of speciation in pteridophytes: implications of contrasting patterns in ferns representing temperate and tropical habitats. *Plant Species Biology*, *15*(3), 223-236. doi.org/10.1111/j.1442-1984.2000.00042.x.
- Haufler, C. H., Pryer, K. M., Schuettpelz, E., Sessa, E. B., Farrar, D. R., Moran, R., ... & Windham, M. D. (2016). Sex and the single gametophyte: Revising the homosporous vascular plant life cycle in light of contemporary research. *BioScience*, *66*(11), 928-937. doi.org/10.1093/biosci/biw108.

- Hutchinson, G. E. (1991). Population studies: Animal ecology and demography. *Bulletin of Mathematical Biology*, 53(1-2), 193-213. [doi.org/10.1016/S0092-8240\(05\)80046-1](https://doi.org/10.1016/S0092-8240(05)80046-1).
- Jiang, Z., Huete, A. R., Didan, K., & Miura, T. (2008). Development of a two-band enhanced vegetation index without a blue band. *Remote sensing of Environment*, 112(10), 3833-3845. doi.org/10.1016/j.rse.2008.06.006.
- Karger, D. N., Conrad, O., Böhner, J., Kawohl, T., Kreft, H., Soria-Auza, R. W., ... & Kessler, M. (2017). Climatologies at high resolution for the earth's land surface areas. *Scientific data*, 4(1), 1-20. doi: 10.1002/aps3.11464.
- Kessler, M. I. C. H. A. E. L., Mehlreter, K., Walker, L. R., & Sharpe, J. M. (2010). Biogeography of ferns. Pp.: 22–60 (eds). Fern ecology. Cambridge University Press, New York. doi.org/10.1017/CBO9780511844898.003.
- Knouft, J. H., Losos, J. B., Glor, R. E., & Kolbe, J. J. (2006). Phylogenetic analysis of the evolution of the niche in lizards of the *Anolis sagrei* group. *Ecology*, 87(sp7), S29-S38. [doi.org/10.1890/0012-9658\(2006\)87](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2006)87).
- Krieg, C. P., & Chambers, S. M. (2022). The ecology and physiology of fern gametophytes: A methodological synthesis. *Applications in Plant Sciences*, 10(2), e11464. doi.org/10.1002/aps3.11464.
- Liu, L., Guan, L., Zhao, H., Huang, Y., Mou, Q., Liu, K., ... & Hu, J. (2021). Modeling habitat suitability of *Houttuynia cordata* Thunb (Ceercão) using MaxEnt under climate change in China. *Ecological Informatics*, 63, 101324. doi.org/10.1016/j.ecoinf.2021.101324.
- Lima, T. C., Guilen-Lima, C. M., Oliveira, M. S., & Soares-Filho, B. (2013). DINAMICA EGO e Land Change Modeler para simulação de desmatamento na Amazônia brasileira: análise comparativa. *Anais XVI Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto*, 6379-6386.

Manel, S., Williams, H. C., & Ormerod, S. J. (2001). Evaluating presence–absence models in ecology: the need to account for prevalence. *Journal of applied Ecology*, 38(5), 921-931. doi.org/10.1046/j.1365-2664.2001.00647.x.

Naimi, B. (2015). USDM: Uncertainty analysis for species distribution models. R package version 1.1–15. *R Documentation* <http://www.rdocumentation.org/packages/usdm>.

Oliveira, U., Soares-Filho, B., Leitão, R. F. M., & Rodrigues, H. O. (2019). BioDinamica: a toolkit for analyses of biodiversity and biogeography on the Dinamica-EGO modelling platform. *PeerJ*, 7, e7213. doi.org/10.7717/peerj.7213.

Oksanen, J., G. F. Blanchet, M. Friendly, R. Kindt, P. Legendre, D. Mcglinn, P. R. Minchin, R. B. O’Hara, G. L. Simpson, P. Solymos, M. H. H. Stevens, E. Szoecs, and H. Wagner. 2019. *vegan: Community Ecology Package*.

Paradis E, Schliep K (2019). “ape 5.0: an environment for modern phylogenetics and evolutionary analyses in R.” *Bioinformatics*, 35, 526-528.
doi:10.1093/bioinformatics/bty633.

R Core Team (2022). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
URL <https://www.R-project.org/>.

Peterson, A. T. (2011). Ecological niche conservatism: A time-structured review of evidence. *Journal of Biogeography*, 38(5), 817-827. doi.org/10.1111/j.1365-2699.2010.02456.x.

Phillips, S. J., Anderson, R. P., & Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological modelling*, 190(3-4), 231-259.
doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026.

Posit team (2023). RStudio: Integrated Development Environment for R. Posit Software, PBC, Boston, MA. URL <http://www.posit.co/>.

- Pradhan, P., & Setyawan, A. D. (2021). Filtering multi-collinear predictor variables from multi-resolution rasters of WorldClim 2.1 for Ecological Niche Modeling in Indonesian context. *Asian Journal of Forestry*, 5(2). doi.org/10.13057/asianjfor/r050207.
- Sadava, D. E., Hillis, D. M., & Heller, H. C. (2009). *Life: the science of biology* (Vol. 2). Macmillan.
- Suárez-Mota, M. E., & Villaseñor, J. L. (2020). Ecological niche overlap among species of the genus *Zaluzania* (Asteraceae) from the dry regions of Mexico. *Plant Ecology and Evolution*, 153(3), 337-347. doi.org/10.5091/plecevo.2020.1663.
- Suissa, J. S., Sundue, M. A., & Testo, W. L. (2021). Mountains, climate and niche heterogeneity explain global patterns of fern diversity. *Journal of Biogeography*, 48(6), 1296-1308. doi.org/10.1111/jbi.14076.
- Testo, W. L., & Watkins Jr, J. E. (2013). Understanding mechanisms of rarity in pteridophytes: Competition and climate change threaten the rare fern *Asplenium scolopendrium* var. *americanum* (Aspleniaceae). *American Journal of Botany*, 100(11), 2261-2270. doi.org/10.3732/ajb.1300150.
- Villegas, M., Loiselle, B. A., Kimball, R. T., & Blake, J. G. (2021). Ecological niche differentiation in *Chiroxiphia* and *Antilophia* manakins (Aves: Pipridae). *Plos one*, 16(1), e0243760. doi.org/10.1371/journal.pone.0243760.
- Warren, D. L., Glor, R. E., & Turelli, M. (2008). Environmental niche equivalency versus conservatism: quantitative approaches to niche evolution. *Evolution*, 62(11), 2868-2883. doi.org/10.1111/j.1558-5646.2008.00482.x.
- Warren, D. L., Glor, R. E., & Turelli, M. (2010). ENMTools: a toolbox for comparative studies of environmental niche models. *Ecography*, 33(3), 607-611. doi.org/10.1111/j.1558-5646.2008.00482.x.

Wiens, J. J., Ackerly, D. D., Allen, A. P., Anacker, B. L., Buckley, L. B., Cornell, H. V., ... & Stephens, P. R. (2010). Niche conservatism as an emerging principle in ecology and conservation biology. *Ecology letters*, *13*(10), 1310-1324. doi.org/10.1111/j.1461-0248.2010.01515.x.

Wilson, A. M., & Jetz, W. (2016). Remotely sensed high-resolution global cloud dynamics for predicting ecosystem and biodiversity distributions. *PLoS biology*, *14*(3), e1002415. doi.org/10.1371/journal.pbio.1002415.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Tabela S1 – DOI referentes aos arquivos baixados no GBIF

Clado Scaly	Doi - GBIF
<i>Microgramma dictyophylla</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.xdgaxa
<i>Microgramma latevagans</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.dpr6u7
<i>Microgramma nana</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.tuprbv
<i>Microgramma percussa</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.2cvq9m
<i>Microgramma piloselloides</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.bzjh38
<i>Microgramma reptans</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.dgb69w
<i>Microgramma tecta</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.r3snrd
<i>Microgramma tecta var. nana</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.a5n9s9
<i>Microgramma tobagensis</i>	GBIF.org (11 December 2021) GBIF Occurrence Download https://doi.org/10.15468/dl.v73t99

Anexo: Normas da Revista *Evolution*

1. SUBMISSÃO

Os autores devem gentilmente observar que a submissão implica que o conteúdo não foi publicado ou submetido para publicação em outro lugar, exceto como um breve resumo nos procedimentos de uma reunião científica ou simpósio.

Uma vez que os materiais de submissão tenham sido preparados de acordo com as Diretrizes para Autores, os manuscritos devem ser enviados online em <https://mc.manuscriptcentral.com/evo>

O sistema de envio solicitará que os autores usem um ORCID iD (um identificador de autor exclusivo) para ajudar a distinguir seu trabalho do de outros pesquisadores.

2. OBJETIVOS E ESCOPO

A revista *Evolution* publica artigos em todas as áreas da biologia evolutiva. Aceitamos manuscritos que apresentem estudos empíricos originais e significativos e investigações teóricas que ampliem a compreensão dos fenômenos e processos evolutivos em todos os níveis da organização biológica. Aceitamos submissões em áreas que são regularmente apresentadas na revista e também estão expandindo nossa cobertura em genômica evolutiva, evolução molecular e genética quantitativa.

3. CATEGORIAS E REQUISITOS DO MANUSCRITO

Os manuscritos devem ser os mais concisos possível, consistentes com a clareza. *Evolution* considerará vários tipos de artigos:

- **Os Artigos Originais** relatam estudos empíricos substantivos ou importantes avanços teóricos que abordam questões significativas na biologia evolutiva. Demonstrar um fenômeno bem estabelecido em outro táxon ou contexto pode não ser aceitável. Da mesma forma, artigos que simplesmente aplicam modelos existentes têm menos probabilidade de serem aceitos do que aqueles que ampliam materialmente a compreensão. Limite usual de 7500 palavras.
- **Comunicações Breves** são artigos curtos que relatam novos dados ou ideias. O número total de figuras e tabelas não deve exceder quatro. Limite usual de 4500 palavras.

- **Avaliações, perspectivas e comentários da Evolution** podem ser solicitados, mas os autores também podem enviar propostas prospectivas ao Editorial Office: evoedoffice@wiley.com . Limite usual de 4500 palavras.
 - **Evolution Reviews** são revisões de pesquisas acadêmicas que efetivamente sintetizam campos de pesquisa e fornecem novidades ao fornecer sínteses de pesquisas novas ou significativamente atualizadas.
 - **As Perspectivas de Evolução** expressam novos pontos de vista, resoluções ou interpretações e vão além de uma revisão acadêmica padrão da pesquisa que está sendo resumida.
 - **Comentários** são bem-vindos, ensaios curtos de biólogos evolucionários sobre qualquer tópico que eles acreditem merecer discussão.
- **Insights de Evolução.** Artigos de pesquisa acadêmica que fornecem insights ou resumos de tópicos quentes emergentes, observações, teoria, controvérsias, questões novas e não resolvidas. Encorajamos particularmente insights que demonstrem maneiras pelas quais novas observações ou métodos podem apresentar ou responder a perguntas novas ou anteriormente intratáveis. Limite usual de 1500 palavras. **O Evolution Insights** pode ser solicitado, mas os autores também podem enviar propostas prospectivas ao Editorial Office: evoedoffice@wiley.com
- **Resumos** são artigos de notícias curtos (~ 500 palavras) sobre pesquisas originais selecionadas incluídas na revista. Esses resumos serão publicados on-line e vinculados aos artigos de pesquisa originais correspondentes. Para obter instruções sobre a preparação e envio de Digests, visite o seguinte link: <https://sites.duke.edu/evodigests/> .
- **Comentários técnicos** são artigos curtos que oferecem novas análises, correções, críticas ou interpretações alternativas de descobertas em artigos publicados recentemente na *Evolution*. Eles devem ser claros, mas concisos, apresentando o contexto geral e o ponto em questão. Normalmente, os autores da contribuição original são convidados a enviar uma resposta. Existem duas variantes de formato para esses comentários, discutidas abaixo. Limite usual de 4500 palavras.
- **As resenhas de livros** avaliam livros ou monografias publicadas recentemente e definem o trabalho revisado no contexto do campo. As resenhas de livros são normalmente solicitadas, mas os revisores aspirantes podem propor escrever uma

resenha para o Escritório Editorial: evoedoffice@wiley.com . Limite usual de 4500 palavras.

Os limites de palavras excluem tabelas, legendas de figuras e literatura citada.

Todos os manuscritos, exceto os comentários, estão sujeitos à revisão por pares .

4. PREPARAÇÃO DA SUBMISSÃO

Envio de Formato Gratuito

O Evolution agora oferece envio de formato gratuito para um processo de envio simplificado e otimizado.

Antes de enviar, você vai precisar de:

- Seu manuscrito: pode ser um único arquivo, incluindo texto, figuras e tabelas, ou arquivos separados – o que você preferir. Todas as seções necessárias devem estar contidas em seu manuscrito, incluindo resumo, introdução, métodos, resultados e conclusões. Figuras e tabelas devem ter legendas. As referências podem ser apresentadas em qualquer estilo ou formato, desde que sejam consistentes ao longo do manuscrito. Se o manuscrito, as figuras ou tabelas forem difíceis de ler, também serão difíceis para os editores e revisores. Se o seu manuscrito for difícil de ler, o escritório editorial pode enviá-lo de volta para revisão.
- A página de título do manuscrito, incluindo declarações relacionadas às nossas políticas de ética e integridade.
- Importante: a revista opera uma política de revisão por pares duplo-cego. Por favor, torne seu manuscrito anônimo e prepare uma página de título separada contendo os detalhes do autor.

Para enviar, faça o login em <https://mc.manuscriptcentral.com/evo> e crie uma nova submissão. Siga as etapas de submissão conforme necessário e envie o manuscrito.

Se você for convidado a revisar seu manuscrito após a revisão por pares, a revista também solicitará que o manuscrito revisado seja formatado de acordo com os requisitos da revista, conforme descrito abaixo.

Submissões revisadas : O manuscrito deve ser enviado em arquivos separados: página de título; arquivo de texto principal; figuras. Para envios revisados, a página de título, o texto e as

tabelas devem estar em um formato editável, como o Microsoft Word. O PDF não é aceitável na revisão.

Todos os manuscritos revisados devem incluir duas versões do texto principal: (1) documento limpo (2) documento com alterações destacadas e/ou controladas.

Arquivos LATEX podem ser enviados. Para fins de revisão, você deve enviar um único documento .pdf ou word gerado a partir de seus arquivos de origem. Designe este arquivo na caixa suspensa como "Documento principal". Todos os arquivos de origem também devem ser carregados sob a designação de arquivo "Supplemental Material not for Review". Todas as versões de arquivo anteriores devem ser excluídas.

Folha de rosto

A página de título deve conter:

- i. Um título informativo curto. O título não deve conter abreviações (consulte as dicas de práticas recomendadas de SEO de Wiley);
- ii. Um título curto com menos de 40 caracteres;
- iii. Os nomes completos dos autores;
- iv. Afiliações institucionais do autor onde o trabalho foi realizado;
- v. Detalhes de contato do autor correspondente;
- vi. Contribuições do autor;
- vii. Agradecimentos;
- viii. Declaração de Acessibilidade de Dados: local de arquivamento mediante aceitação ou declaração de que não há dados a serem arquivados.

O endereço atual de qualquer autor, se diferente de onde o trabalho foi realizado, deve ser fornecido em nota de rodapé.

Autoria

Consulte a política **de autoria** da revista na seção **Políticas editoriais e considerações éticas** para obter detalhes sobre a elegibilidade da lista de autores.

Contribuições de Autoria

Os envios de evolução devem ter uma seção intitulada “Contribuições do autor” listando o que cada autor contribuiu para o trabalho publicado.

Agradecimentos

Contribuições de qualquer pessoa que não atenda aos critérios de autoria devem ser listadas, com permissão do colaborador, em uma seção de Agradecimentos. O apoio financeiro e material também deve ser mencionado. Agradecimentos a revisores anônimos não são apropriados.

Declaração de conflito de interesse

Os autores serão solicitados a fornecer uma declaração de conflito de interesses durante o processo de submissão. Para obter detalhes sobre o que incluir nesta seção, consulte a seção '**Conflito de interesses**' na seção Políticas editoriais e considerações éticas abaixo. Os autores devem garantir o contato com todos os coautores para confirmar a concordância com a declaração final.

Arquivo de Texto Principal

Como os artigos são revisados por pares duplo-cegos, o arquivo de texto principal não deve incluir nenhuma informação que possa identificar os autores.

O arquivo de texto principal deve incluir o seguinte:

- i. Título, resumo e palavras-chave;
- ii. Texto principal;
- iii. Referências;
- iv. Tabelas (cada tabela completa com título e notas de rodapé);
- v. Legendas de figuras;
- vi. Apêndices (se relevante).

NOTA: Para revisão por pares, legendas de figuras, tabelas e figuras podem ser incorporadas ao texto.

As informações de suporte devem ser fornecidas como arquivos separados.

Abstrato

O resumo não deve ter mais de 200 palavras e conter as principais palavras-chave.

Idiomas alternativos

Estamos empenhados em aumentar a acessibilidade do conhecimento científico para a comunidade global mais ampla. Todas as submissões devem ser escritas em inglês. No entanto, encorajamos os autores a fornecer o título e o resumo em um idioma ou idiomas alternativos. Pode ser, por exemplo, um idioma relevante para o local de origem, trabalho, estudo do autor ou para as comunidades afetadas pela obra. O(s) título(s) e resumo(s) alternativo(s) serão publicados com a versão HTML online do artigo, mas não serão incluídos no PDF ou na versão impressa. Conteúdo em idiomas alternativos também pode ser colocado nos materiais complementares. Observe que títulos em idiomas alternativos, resumos e materiais suplementares não serão editados e serão publicados conforme fornecidos pelos autores.

Palavras-chave

Forneça de três a seis palavras-chave.

Texto principal

- Como os artigos são revisados por pares duplo-cegos, o arquivo de texto principal não deve incluir nenhuma informação que possa identificar os autores.
- Artigos Originais e Comunicações Breves são normalmente organizados com as seções Introdução, Material e Métodos, Resultados e Discussão, mas os autores devem consultar edições recentes de periódicos para organizações alternativas aceitáveis. A extensão do manuscrito deve estar de acordo com o tipo de manuscrito descrito na seção Tipos de artigos. **Para ver exemplos de artigos, clique [aqui](#).**
- Não salve equações em uma versão inferior do Word do que o manuscrito foi produzido. Suas equações resultarão em imagens que não poderão ser editadas durante a produção e deverão ser fornecidas novamente na fase de produção.

Literatura citada

No texto coloque o nome do autor seguido do ano entre parênteses. Artigos de um ou dois autores devem ser completos; por exemplo, "(Able e Charles 2014)." Se o número de autores for superior a dois, devem ser sempre abreviados. por exemplo: "(Frank et al. 2014)." As citações devem ser listadas em ordem alfabética no final do manuscrito. NOTA: Normalmente,

os autores das obras citadas são indicados pelo sobrenome e iniciais. No entanto, nos casos em que dois ou mais autores compartilham o mesmo sobrenome e iniciais, eles devem ser distinguidos pela inclusão de nomes completos. Os títulos dos periódicos devem ser abreviados de acordo com **o BIOSIS**.

Todos os dados, código de programa e outros métodos devem ser devidamente citados. Tais materiais devem ser reconhecidos como contribuições intelectuais originais e reconhecidos por meio de citação. Todos os conjuntos de dados e códigos de programa usados em uma publicação devem ser citados no texto e listados na seção de referência. Veja o exemplo de *Material Eletrônico* abaixo.

As submissões não são obrigadas a refletir a formatação precisa da referência da revista (uso de itálico, negrito, etc.), no entanto, é importante que todos os elementos-chave de cada referência sejam incluídos. Veja abaixo exemplos de requisitos de conteúdo de referência.

Exemplos do estilo de referência *Evolution* são fornecidos abaixo:

Artigo de jornal:

Firman, RC e LW Simmons. 2015. As interações gaméticas promovem a prevenção da endogamia em camundongos domésticos. *Eco*. Deix 18:937–943.

Livro:

Otto, SP e T. Day. 2007. Guia de um biólogo para modelagem matemática em ecologia e evolução. Universidade de Princeton. Pres, Princeton, NJ.

Materiais Eletrônicos:

IUCN, Conservação Internacional e NatureServe. 2004. Avaliação global de anfíbios. Disponível em www.globalamphibians.org. Acessado em 15 de outubro de 2008. NOTA: O formato básico para citar recursos eletrônicos é: Sobrenome do autor, Primeira inicial. Título do pacote de dados (por exemplo, Dados de “Nome do artigo”). Nome do repositório de dados, identificador de dados (ou DOI), endereço/URL.

Tabelas

As tabelas devem ser independentes e complementar, não duplicar, as informações contidas no texto. Eles devem ser fornecidos como arquivos editáveis, não colados como imagens. As legendas devem ser concisas, mas abrangentes – a tabela, a legenda e as notas de rodapé devem

ser compreensíveis sem referência ao texto. Todas as abreviações devem ser definidas em notas de rodapé. Símbolos de notas de rodapé: †, ‡, §, ¶, devem ser usados (nessa ordem) e *, **, *** devem ser reservados para valores-P. Medidas estatísticas como SD ou SEM devem ser identificadas nos títulos.

Legendas das Figuras

As legendas devem ser concisas, mas abrangentes – a figura e sua legenda devem ser compreensíveis sem referência ao texto. Incluir definições de quaisquer símbolos usados e definir/explicar todas as abreviações e unidades de medida.

Figuras

Embora os autores sejam incentivados a enviar as figuras da mais alta qualidade possível, para fins de revisão por pares, uma ampla variedade de formatos, tamanhos e resoluções são aceitos. **Clique aqui** para obter os requisitos básicos de figuras enviadas com manuscritos para revisão inicial por pares, bem como os requisitos de figuras pós-aceitação mais detalhados.

Arquivos Adicionais

Apêndices

Os apêndices serão publicados após as referências. Os apêndices não devem ter mais de uma ou duas páginas, se forem mais longos, por favor, mova o material para Informações de Apoio.

Informações de Apoio

Informações de apoio são informações que não são essenciais para o artigo, mas fornecem maior profundidade e histórico. Ele é hospedado online e aparece sem edição ou composição tipográfica. Pode incluir tabelas, figuras, vídeos, conjuntos de dados, etc. **Clique aqui** para ver as perguntas frequentes de Wiley sobre informações de suporte.

Observação: se dados, scripts ou outros artefatos usados para gerar as análises apresentadas no artigo estiverem disponíveis por meio de um repositório de dados disponível publicamente, os autores devem incluir uma referência à localização do material em seu artigo.

Pontos gerais de estilo

Os manuscritos devem estar em inglês. Todo o texto deve estar em fonte de 12 pontos (de preferência Times Roman), espaço duplo e formatado para o tamanho de carta dos EUA (8,5 × 11 pol.).

Notas Técnicas: Dois Formatos/Abordagens

As Notas Técnicas abordam publicações anteriores na revista. Eles podem vir em dois formatos:

1. Notas Técnicas não incluindo autores do estudo anterior comentado. Essas submissões são tratadas inicialmente como todas as outras submissões e estão sujeitas à revisão por um editor associado e revisores externos. Se aceito, os autores do estudo original terão a oportunidade de responder em uma publicação separada.
2. Notas Técnicas nas quais os autores do estudo anterior também aparecem como autores e contribuem. Este último tipo também pode identificar pontos de concordância e discordância entre os autores. Esses envios recebem um processo de revisão "acelerado" apenas com um editor associado e um editor, e nenhuma publicação de resposta é necessária. Veja o exemplo em: <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/evo.13178/full>

Recursos do Autor Wiley

Dicas para preparação de manuscritos: Wiley tem uma variedade de recursos para autores que preparam manuscritos para envio disponíveis [aqui](#). Em particular, os autores podem se beneficiar ao consultar as dicas de práticas recomendadas de Wiley sobre redação para otimização de mecanismos de pesquisa.

Suporte de edição, tradução e formatação: Wiley Editing Services pode melhorar muito as chances de um manuscrito ser aceito. Oferecendo ajuda especializada em edição, tradução, formatação de manuscrito e preparação de figuras em inglês, a Wiley Editing Services garante que o manuscrito esteja pronto para envio.

5. POLÍTICAS EDITORIAIS E CONSIDERAÇÕES ÉTICAS

Revisão Editorial e Aceitação

Os critérios de aceitação para todos os artigos são a qualidade e originalidade da pesquisa e sua importância para os leitores da revista. **Salvo indicação em contrário, os manuscritos são revisados por pares duplo-cego** (ou seja, os revisores não conhecem a identidade dos autores e vice-versa). Handling Editors e Associate Editors escolhem manuscritos para revisão por pares externos com base na qualidade da pesquisa descrita, sua importância e seu interesse para a ampla comunidade de biólogos evolutivos. Manuscritos considerados inadequados para o

Evolution nesta fase recebem uma rejeição editorial e normalmente são devolvidos ao autor em até seis dias.

Os manuscritos que passam nessa avaliação inicial são normalmente enviados a pelo menos dois especialistas para avaliação. Devolvidas as revisões, o Editor Associado responsável pelo manuscrito desenvolve uma avaliação global do mesmo, com base nas revisões e na sua própria avaliação do manuscrito, fazendo uma recomendação ao Editor Handling, que retornará uma decisão ao autores.

Os autores devem sugerir Editores Associados que considerem bem posicionados para considerar o manuscrito. O Handling Editor leva em consideração essas sugestões, bem como as cargas atuais de Editores Associados e conflitos de interesse, ao designar Editores Associados para gerenciar o processo de revisão e avaliar cada manuscrito.

Os autores são solicitados a enviar os nomes e e-mails de dois avaliadores em potencial com experiência adequada e livres de preocupações de conflito de interesses. Os autores também podem indicar árbitros que preferem não revisar o manuscrito. Qualquer nome listado deve ser acompanhado por uma breve explicação de por que os autores consideram o indivíduo propenso a fazer uma revisão injusta. Os editores levarão esses comentários em consideração, mas terão a opção de solicitar a revisão desses indivíduos, avaliando a revisão resultante à luz das preocupações dos autores.

Compartilhamento de dados e acessibilidade de dados

Evolução requer, como condição para publicação, que os dados que suportam os resultados do artigo sejam arquivados em um arquivo público apropriado, como Dryad, Figshare, GenBank, TreeBASE, Knowledge Network for Biocomplexity ou outros repositórios públicos estáveis e de longo prazo adequados. Os dados são produtos importantes do empreendimento científico e devem ser preservados e utilizáveis no futuro. Os autores podem optar por ter os dados disponíveis publicamente no momento da publicação ou, se a tecnologia do arquivo permitir, podem optar por embargar o acesso aos dados por um período de até um ano após a publicação. Exceções podem ser concedidas a critério do Editor-Chefe, especialmente para informações confidenciais, como dados de seres humanos ou a localização de espécies ameaçadas de extinção. Os autores serão obrigados a fornecer uma declaração de acessibilidade de dados,

Métodos Analíticos (Código) e Armazenamento e Documentação de Materiais

A política da *Evolution* é publicar trabalhos em que os autores indiquem se os métodos utilizados na análise e os materiais utilizados para conduzir a pesquisa serão disponibilizados a qualquer pesquisador para fins de reprodução dos resultados ou replicação do procedimento. Os autores devem disponibilizar seus dados brutos empíricos e métodos analíticos para outros pesquisadores e devem especificar onde esse material está disponível.

Transparência de Estudo e Análise

A política da *Evolution* é publicar artigos nos quais os autores seguem padrões para divulgar os principais aspectos do projeto de pesquisa e análise de dados. Os autores são incentivados a revisar as Ferramentas para Transparência em Ecologia e Evolução (<https://osf.io/y8aqx/>) ou os padrões disponíveis para muitos aplicativos de pesquisa em <http://www.equator-network.org/> e usar aqueles que são relevantes para as aplicações de pesquisa relatadas.

Estudos humanos e assuntos

Para manuscritos relatando estudos médicos que envolvem participantes humanos, é necessária uma declaração identificando o comitê de ética que aprovou o estudo e a confirmação de que o estudo está em conformidade com os padrões reconhecidos, por exemplo: Declaração **de Helsinque** ; **Política Federal dos EUA para a Proteção de Seres Humanos** ; ou **Diretrizes da Agência Européia de Medicamentos para Boas Práticas Clínicas** .

As imagens e informações de participantes individuais só serão publicadas quando os autores tiverem obtido o consentimento livre e informado prévio do indivíduo. Os autores não precisam fornecer uma cópia do formulário de consentimento ao editor; no entanto, ao assinar a licença do autor para publicar, os autores devem confirmar que o consentimento foi obtido. Wiley tem um **formulário de consentimento do paciente padrão disponível** para uso.

estudos animais

Uma declaração indicando que o protocolo e os procedimentos empregados foram revisados e aprovados eticamente, bem como o nome do órgão que deu a aprovação, deve ser incluída na seção Métodos do manuscrito. Os autores são incentivados a aderir aos padrões de relatórios de pesquisas com animais, por exemplo, as **diretrizes de relatórios ARRIVE** para relatórios de desenho de estudo e análise estatística; Procedimentos experimentais; animais experimentais e alojamento e criação. Os autores também devem declarar se os experimentos foram realizados de acordo com as diretrizes institucionais e nacionais relevantes para o cuidado e uso de animais de laboratório:

- Os autores dos EUA devem citar a conformidade com o Guia do Conselho Nacional de Pesquisa dos EUA para o cuidado e uso de animais de laboratório , a Política do Serviço de Saúde Pública dos EUA sobre Cuidado e uso humanitário de animais de laboratório e um [href="https://grants.nih.gov/grants/olaw/Guide-for-the-Care-and-Use-of-Laboratory-Animals.pdf"](https://grants.nih.gov/grants/olaw/Guide-for-the-Care-and-Use-of-Laboratory-Animals.pdf)>Guia para o cuidado e uso de animais de laboratório.
- Os autores do Reino Unido devem estar em conformidade com a legislação do Reino Unido sob os regulamentos de alteração de 1986 do Animals (Scientific Procedures) Act (SI 2012/3039) .
- Os autores europeus fora do Reino Unido devem estar em conformidade com a Diretiva 2010/63/EU .

Nomes de espécies

Na primeira utilização no título, resumo e texto, o nome comum da espécie deve ser seguido do nome científico (gênero, espécie e autoridade) entre parênteses. No entanto, para espécies bem conhecidas, os nomes científicos podem ser omitidos dos títulos dos artigos. Se nenhum nome comum existir em inglês, apenas o nome científico deve ser usado.

Nomenclatura Genética

Variantes de sequência devem ser descritas no texto e nas tabelas usando designações de DNA e proteínas sempre que apropriado.

Dados de sequência

Os dados da sequência de nucleotídeos podem ser enviados em formato eletrônico para qualquer um dos três principais bancos de dados colaborativos: DDBJ, EMBL ou GenBank. Só é necessário enviar para um banco de dados, pois os dados são trocados entre DDBJ, EMBL e GenBank diariamente. A redação sugerida para se referir às informações do número de acesso é: 'Estes dados de sequência foram enviados aos bancos de dados DDBJ/EMBL/GenBank sob o número de acesso U12345'. Os endereços são os seguintes:

- Banco de dados de DNA do Japão (DDBJ) www.ddbj.nig.ac.jp
- Arquivo de nucleotídeos EMBL: ebi.ac.uk/ena
- GenBank www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank

Os dados da sequência de proteínas devem ser enviados para um dos seguintes repositórios.

- Recurso de informações sobre proteínas (PIR): pir.georgetown.edu
- SWISS-PROT: expasy.ch/sprot/sprot-top

Conflito de interesses

A *evolução* segue **a NSF** orientações sobre conflitos de interesse. A *Evolution* exige que todos os autores divulguem quaisquer fontes potenciais de conflito de interesses. Qualquer interesse ou relacionamento, financeiro ou outro que possa ser percebido como influenciando a objetividade de um autor, é considerado uma fonte potencial de conflito de interesses. Estes devem ser divulgados quando diretamente relevantes ou diretamente relacionados ao trabalho que os autores descrevem em seu manuscrito. Fontes potenciais de conflito de interesse incluem, mas não estão limitadas a: propriedade de patentes ou ações, participação no conselho de administração de uma empresa, participação em um conselho ou comitê consultivo de uma empresa e consultoria ou recebimento de honorários de palestrante de uma empresa. A existência de um conflito de interesses não impede a publicação.

Financiamento

Os autores devem listar todas as fontes de financiamento na seção Agradecimentos. Os autores são responsáveis pela precisão de sua designação de financiador. Em caso de dúvida, verifique o Open Funder Registry para obter a nomenclatura correta: <https://www.crossref.org/services/funder-registry/>

Autoria

A lista de autores deve ilustrar com precisão quem contribuiu para o trabalho e como. Todos aqueles listados como autores devem se qualificar para autoria de acordo com os seguintes critérios:

1. Ter feito contribuições substanciais para a concepção e projeto, ou aquisição de dados, ou análise e interpretação de dados;
2. Esteve envolvido na redação do manuscrito ou na revisão crítica do conteúdo intelectual importante;
3. Dada a aprovação final da versão a ser publicada. Cada autor deve ter participado suficientemente do trabalho para assumir responsabilidade pública por partes apropriadas do conteúdo; e

4. Concordeu em ser responsável por todos os aspectos do trabalho, garantindo que questões relacionadas à precisão ou integridade de qualquer parte do trabalho sejam adequadamente investigadas e resolvidas.

Contribuições de qualquer pessoa que não atenda aos critérios de autoria devem ser listadas, com permissão do colaborador, em uma seção de Agradecimentos (por exemplo, para reconhecer contribuições de pessoas que forneceram ajuda técnica, coleta de dados, assistência na redação, obtenção de financiamento, ou outro suporte geral). Antes de submeter o artigo, todos os autores devem concordar com a ordem em que seus nomes serão listados no manuscrito.

Opções adicionais de autoria : Primeira autoria conjunta ou autoria sênior: No caso de primeira autoria conjunta, uma nota de rodapé deve ser adicionada à lista de autores, por exemplo, 'X e Y devem ser considerados primeiro autor conjunto' ou 'X e Y devem ser considerados coautor sênior autor.'

Política de alteração de nome de autor da Wiley

Nos casos em que os autores desejam alterar seu nome após a publicação, a Wiley atualizará e republicará o artigo e reenviará os metadados atualizados aos serviços de indexação. Nossas equipes editoriais e de produção usarão de discrição ao reconhecer que as alterações de nome podem ser de natureza confidencial e privada por vários motivos, incluindo (mas não limitado a) alinhamento com identidade de gênero ou como resultado de casamento, divórcio ou conversão religiosa. Assim, para proteger a privacidade do autor, não publicaremos um aviso de correção no artigo e não notificaremos os coautores sobre a alteração. Os autores devem entrar em contato com o Escritório Editorial da revista com o pedido de mudança de nome.

ORCID

Como parte do compromisso da revista em apoiar os autores em todas as etapas do processo de publicação, a revista incentiva o autor do envio (somente) a fornecer um ORCID iD ao enviar um manuscrito. Isso leva cerca de 2 minutos para ser concluído. **[Encontre mais informações aqui](#)** .

Ética da Publicação

Esta revista é membro do Committee on Publication Ethics (COPE) . Observe que esta revista usa o software CrossCheck da iThenticate para detectar instâncias de texto sobreposto e

semelhante em manuscritos enviados. Leia as 10 principais dicas de ética editorial para autores [aqui](#) . As diretrizes de ética de publicação da Wiley podem ser encontradas em authorservices.wiley.com/ethics-guidelines/index.html .

6. IGUALDADE, DIVERSIDADE e INCLUSÃO

Reconhecemos que muitos grupos estão sub-representados na pesquisa e estamos comprometidos em aumentar a equidade, diversidade e inclusão na pesquisa e publicação. Aceitamos inscrições de candidatos de todas as etnias, raças, cores, religiões, sexos, orientações sexuais, identidades de gênero, origens nacionais, deficiências, idades ou outros status individuais. Nosso objetivo é identificar e remover barreiras à inclusão na publicação e estamos trabalhando ativamente para:

- usar processos de recrutamento transparentes para nosso conselho editorial
- apoiar autores para os quais o inglês não é o idioma preferido
- promover o uso de linguagem inclusiva por autores, revisores e editores
- melhorar a diversidade de revisores convidados
- incorporar treinamento de editores para reduzir o viés

7. LICENCIAMENTO DO AUTOR

Se um artigo for aceito para publicação, o autor identificado como o autor correspondente formal receberá um e-mail solicitando que ele faça login no Author Services, onde, por meio do Wiley Author Licensing Service (WALS), será necessário preencher um contrato de licença exclusivo em nome de todos os autores do artigo.

Os autores podem optar por publicar sob os termos do acordo de direitos autorais padrão da revista ou **acesso aberto híbrido** sob os termos de uma licença Creative Commons.

Informações gerais sobre licenciamento e direitos autorais estão disponíveis [aqui](#) . Para revisar as opções de Licença Creative Commons oferecidas sob acesso aberto híbrido, **clique aqui** . (Observe que certos financiadores exigem que um determinado tipo de licença CC seja usado; para verificar isso, clique [aqui](#) .)

A *Evolution* dá permissão para a reprodução pelos autores de seus artigos em suas teses e dissertações. Se o artigo foi aceito para publicação no momento em que a tese ou dissertação é

publicada, a tese ou dissertação deve fornecer informações de citação completas, incluindo DOI e número de ano/volume/página (se disponível). Se o artigo passou por uma revisão por pares na *Evolution* e foi convidado para uma revisão, mas ainda não foi aceito, o capítulo de tese ou dissertação que apresenta o trabalho deve reconhecer a revisão por pares pelos revisores da revista *Evolution* para feedback construtivo, mas nenhuma citação adicional é obrigatório. Caso o artigo (ainda) não tenha sido aceito ou solicitado para revisão, nenhum reconhecimento ou citação é necessário.

Definições e políticas de autoarquivamento: Observe que o contrato de licença padrão da revista permite o autoarquivamento de diferentes versões do artigo sob condições específicas. Clique [aqui](#) para obter informações mais detalhadas sobre definições e políticas de autoarquivamento.

Taxas de acesso aberto: os autores que optarem por publicar acesso aberto híbrido pagarão uma taxa. Uma lista de taxas de publicação de artigos para revistas Wiley está disponível [aqui](#) .

Acesso aberto do financiador: clique [aqui](#) para obter mais informações sobre a conformidade da Wiley com as políticas específicas de acesso aberto do financiador.

8. PROCESSO DE PUBLICAÇÃO APÓS ACEITAÇÃO

Artigo Aceito Recebido em Produção

Quando um artigo aceito é recebido pela equipe de produção da Wiley, o autor correspondente receberá um e-mail solicitando que ele faça login ou se registre no [Wiley Author Services](#) . O autor será solicitado a assinar uma licença de publicação neste momento.

Artigos aceitos

A revista oferece o serviço Wiley's Accepted Articles para todos os manuscritos. Este serviço garante que os manuscritos 'no prelo' aceitos sejam publicados on-line logo após a aceitação, antes da edição de cópia ou composição tipográfica. Os artigos aceitos são publicados on-line alguns dias após a aceitação final e aparecem apenas no formato PDF. Eles recebem um identificador de objeto digital (DOI), que permite que sejam citados e rastreados e indexados pelo PubMed. Após a publicação da versão final do artigo (o artigo de registro), o DOI continua válido e ainda pode ser usado para citar e acessar o artigo.

Os artigos aceitos serão indexados pelo PubMed; Os autores que enviam devem, portanto, verificar cuidadosamente os nomes e afiliações de todos os autores fornecidos na página de

rosto do manuscrito para que seja preciso para indexação. Posteriormente, os artigos finais editados e revisados aparecerão em uma edição.

provas

Assim que o artigo for composto, o autor receberá uma notificação por e-mail com a URL para baixar uma prova de página composta em PDF, bem como os formulários associados e instruções completas sobre como corrigir e devolver o arquivo.

Observe que o autor é responsável por todas as declarações feitas em seu trabalho, incluindo alterações feitas durante o processo editorial – os autores devem verificar as provas cuidadosamente. Observe que as provas devem ser devolvidas em até 48 horas a partir do recebimento da primeira prova.

Taxas de Publicação

A *Evolution* publica em um formato somente online a partir do volume de 2017. A *Evolution* cobra uma taxa de publicação de US\$ 50 por página. Todos os artigos e imagens coloridas são publicados gratuitamente quando qualquer autor é membro da **Sociedade para o Estudo da Evolução**. Os membros devem indicar seu status de associação ao enviar o manuscrito no ScholarOne. Se nenhum autor for membro e você quiser solicitar a isenção da taxa de publicação, entre em contato com a editora-chefe Tracey Chapman em **Tracey.Chapman@uea.ac.uk**. Os resumos são sempre publicados gratuitamente, independentemente da associação.

Visualização antecipada

A revista oferece publicação rápida através do serviço Early View da Wiley. **Os artigos Early View** (versão online do registro) são publicados na Wiley Online Library antes de serem incluídos em uma edição. Observe que pode haver um atraso após o recebimento das correções antes que o artigo apareça online, pois os editores também precisam revisar as provas. Depois que o artigo é publicado no Early View, não é possível fazer mais alterações no artigo. O artigo Early View é totalmente citável e traz uma data de publicação online e DOI para citações.

9. PÓS PUBLICAÇÃO

Acesso e Compartilhamento

Quando o artigo é publicado online:

- O autor recebe um alerta por e-mail (se solicitado).
- O link para o artigo publicado pode ser compartilhado nas redes sociais.
- Cópias impressas do artigo agora podem ser encomendadas (as instruções são enviadas na fase de revisão ou use os detalhes de contato abaixo).

E-mail [**chris.jones@sheridan.com**](mailto:chris.jones@sheridan.com)

Para descobrir a melhor forma de promover um artigo, clique [aqui](#).

Medindo o impacto de um artigo

A Wiley também ajuda os autores a medir o impacto de suas pesquisas por meio de parcerias especializadas com **Kudos** e **Altmetric**.

10. DETALHES DE CONTATO DO ESCRITÓRIO EDITORIAL

Para obter ajuda com as submissões, entre em contato com:

Felicia

Editora-chefe

Evolution Editorial Office [**evoedoffice@wiley.com**](mailto:evoedoffice@wiley.com)

Bonanno