Ariane Campos de Gouvêa

Taxonomia e biogeografia de *Rynchops niger* (Rynchopinae) e *Phaetusa simplex* (Sterninae) (Aves, Charadriiformes): utilizando a morfologia e marcadores moleculares para investigar a estrutura populacional e o papel dos rios na evolução e migração de aves aquáticas

Taxonomy and biogeography of *Rynchops niger* (Rynchopinae) and *Phaetusa simplex* (Sterninae) (Aves, Charadriiformes): using morphology and molecular markers to investigate the population structure and the role of the rivers in the evolution and migration of waterbirds

São Paulo

2018

Ariane Campos de Gouvêa

Taxonomia e biogeografia de *Rynchops niger* (Rynchopinae) e *Phaetusa simplex* (Sterninae) (Aves, Charadriiformes): utilizando a morfologia e marcadores moleculares para investigar a estrutura populacional e o papel dos rios na evolução e migração de aves aquáticas

Taxonomy and biogeography of *Rynchops niger* (Rynchopinae) and *Phaetusa simplex* (Sterninae) (Aves, Charadriiformes): using morphology and molecular markers to investigate the population structure and the role of the rivers in the evolution and migration of waterbirds

Tese apresentada ao Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, para a obtenção do Título de Doutora em Zoologia, na Área de Ornitologia.

Orientador: Prof. Dr. Luís Fábio Silveira.

São Paulo

2018

Ficha Catalográfica

Gouvêa, Ariane Campos.
Taxonomia e biogeografia de *Rynchops niger* (Rynchopinae) e *Phaetusa simplex* (Sterninae) (Aves, Charadriiformes): utilizando a morfologia e marcadores moleculares para investigar a estrutura populacional e o papel dos rios na evolução e migração de aves aquáticas.
237 pp.

Tese (Doutorado) - Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo. Departamento de Zoologia.

1.RADseq. 2. Biogeografia. 3. Morfologia. 4. Biologia Molecular. 5. Genética de populações. 6. mtDNA. 7. Taxonomia. 8. ddRADseq. 9. NGS. 10. Migração. 11. Aves. 12. Charadriiformes. 13. *Phaetusa*. 14. *Rynchops*. 15. Marcadores moleculares; I. Universidade de São Paulo. Instituto de Biociências. Departamento de Zoologia.

Comissão Julgadora:

_____	_____
Prof(a). Dr(a).	Prof(a). Dr(a).
_____	_____
Prof(a). Dr(a).	Prof(a). Dr(a).

_____

Prof. Dr.

Orientador

“Sempre que as gratuidades pousam em minhas palavras,

elas são abençoadas por pássaros e por lírios.

Os pássaros conduzem o homem para o azul,

para as águas, para as árvores e para o amor.

Ser escolhido por um pássaro para ser a árvore dele:

eis o orgulho de uma árvore.

Ser ferido de silêncio pelo voo dos pássaros:

eis o esplendor do silêncio.

Ser escolhido pelas garças para ser o rio delas:

eis a vaidade dos rios.

Por outro lado, o orgulho dos brejos é o de serem escolhidos

por lírios que lhes entregarão a inocência.

(Sei entrementes que a ciência faz cópia de ovelhas, que a ciência produz seres em vidros. Louvo a ciência por seus benefícios à humanidade, mas não concordo que a ciência não se aplique em produzir encantamentos.)

Por quê não medir, por exemplo, a extensão do exílio das cigarras?

Por quê não medir a relação de amor que os pássaros têm com as brisas da manhã?

Por quê não medir a amorosa penetração das chuvas no dentro da terra?

Eu queria aprofundar o que não sei, como fazem os cientistas, mas só na área dos encantamentos.

Queria que um ferrolho fechasse o meu silêncio,

para eu sentir melhor as coisas increadas.

Queria poder ouvir as conchas quando elas se desprendem da existência.

Queria descobrir por quê os pássaros escolhem a amplidão para viver

enquanto os homens escolhem ficar encerrados em suas paredes.

Sou leso em tratar com máquina; mas inventei, para meu gasto,

um Aferidor de Encantamentos.

Queria medir os encantos que existem nas coisas sem importância.

Eu descobri que o sol, o mar, as árvores e os arrebóis são mais enriquecidos pelos pássaros do que pelos homens.

Eu descobri, com o meu Aferidor de Encantamentos, que as violetas e as rosas e as acácias são mais filiadas dos pássaros do que os cientistas.

Porque eu entendo, desde a minha pobre percepção, que o vencedor, no fim das contas, é aquele que atinge o inútil dos pássaros e dos lírios do campo.

Ah, que estas palavras gratuitas possam agora servir de abrigo para todos os pássaros do mundo.”

Manoel de Barros

Gratuidade das Aves e dos Lírios

Agradecimentos

Esta foi uma jornada longa, com doses de ansiedade e muitas pitadas de alegria. Uma jornada de muito aprendizado pela qual eu sou muito grata e de que de forma alguma poderia se concretizar sem a ajuda de uma série de pessoas. Você pode até escrever poesia sozinho(a), mas ciência, meu caro, é impossível fazer só. Desta forma, eu gostaria de agradecer:

Ao meu querido orientador e amigo Prof. Dr. Luís Fábio Silveira, por abrir as portas da ornitologia, acreditar em mim e me dar todo o apoio necessário. Além do bom humor, que fizeram toda a diferença e tornaram esta caminhada muito mais tranquila e agradável.

Ao amigo e coorientador Dr. Gustavo Bravo, que me incentivou e guiou "no mundo da biologia molecular". Gratidão pela orientação e ajuda concreta durante todo o período em que estive em Harvard.

Ao CNPQ (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) pela concessão da bolsa de doutorado e à CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela bolsa de PDSE (Programa de Doutorado-sanduíche no Exterior), ambas imprescindíveis para a realização deste trabalho.

Ao Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (IBUSP) e ao Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo (MZUSP), pelas oportunidades e infraestrutura.

A Universidade de Harvard e ao *Department of Organismic and Evolutionary Biology* (Ornitologia), por abrirem as portas (literalmente, eles me deram as chaves!) desta instituição com a qual nunca ousei sonhar. Obrigada pela confiança, suporte e acesso a todas as facilidades que a Universidade pôde oferecer, foi uma experiência enriquecedora e inesquecível, aprendi muito.

Ao Prof. Dr. Scott Edwards, que com toda a gentileza e boa vontade do mundo me recebeu em Harvard, permitiu que eu assistisse as suas aulas, concedeu-me acesso ao *cluster*, financiou cursos de novas tecnologias, o sequenciamento (*Illumina*) e a maior parte dos reagentes que utilizei nesta pesquisa.

À amiga Dra. Flavia Termignoni, que foi um verdadeiro anjo que caiu do céu, que eu tive a felicidade de conhecer em Harvard, e que me ajudou com as análises de bioinformática (*Stacks*).

Aos queridos Nati Aristizábal, Felipe Shibuya (+ Pedrinho) e novamente, Gus (Gustavo Bravo) e Flavinha (Flavia Termignoni), que foram verdadeiros amigos em Boston,

foram extremamente importantes neste período, estiveram do meu lado e fizeram a minha vida nos EUA muito mais feliz, grata pela gentileza, pelas conversas científicas, cafézinhos, almoços nos gramados de Harvard, passeios e pelas risadas, tive a maior sorte do mundo por tê-los no meu caminho.

Aos museus e suas coleções ornitológicas: BNMN (*British Museum of Natural History*, UK), COP (*Coleccíon Ornitologica Phelps*, Venezuela), EBRG (*Estaccíon Biologica Rancho Grande*, Venezuela), IAVH (*Instituto Alexander von Humboldt*, Venezuela), ICN (*Instituto de Ciencias Naturales*, Colômbia), MNRJ (Museu Nacional do Rio de Janeiro), MOFURG (Museu Oceanográfico da Universidade Federal do Rio Grande), MPEG (Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém), MZUSP (Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo), AMNH (*American Museum of Natural History*, EUA, New York), MCZ (*Museum of Comparative Zoology*, EUA, Cambridge), NRM (*Naturhistoríska Riksmuseet*, Estocolmo, Suécia) e ZSM (*Zoologische Staatssammlung Munich*, Munique, Alemanha), pelo acesso as coleções ou por me fornecerem as fotografias para as análises dos exemplares. Em especial, ao Museu de Zoologia da USP, ao *American Museum of Natural History* (NY) e ao *Museum of Comparative Zoology* de Harvard.

Aos curadores, coletores, taxidermistas e funcionários destas importantes coleções ornitológicas.

Ao Dr. Joel Cracraft e ao *Frank Chapman memorial fund* do *American Museum of Natural History* (NY) por me concederem o *Collection Study Grants*, que possibilitou a minha ida a Nova York e a análise dos exemplares da coleção de aves. Além disso, agradeço ao Dr. Joel Cracraft e os funcionários do AMNH pelo rápido envio dos tecidos de *Rynchops* e por terem me recebido tão bem nesta instituição.

À Dra. Patrícia de Jesus Faria, que cedeu boa parte das amostras de sangue de *Rynchops niger* e de *Phaetusa simplex* para este estudo.

Ao excelente laboratório de biologia molecular do MZUSP e a querida Dra. Jaqueline Battilana pelo suporte neste laboratório e pela leitura desta Tese.

A querida amiga Dra. Patricia Mancini, pelo incentivo, exemplo de motivação, suporte e pela leitura crítica desta Tese.

A todos os colegas do laboratório de ornitologia do Museu de Zoologia da USP, que sempre foram muito solícitos comigo, em especial a Fernanda Bocalini que desde o inicio me ajudou com várias questões, me deu dicas importantes e me apresentou ao programa QGIS.

Ao Thiago Vernaschi Costa, pelas dicas e ajuda com as questões burocráticas do PDSE. E aos hermanitos Diego Evangelista e Diego Cueva, pela amizade e simpatia.

Aos funcionários da biblioteca do MZUSP: Dione, Marta, Ricardo e Viviane, pela simpatia, boa vontade e ajuda ao encontrar as obras raras.

Ao Airton Cruz, pelo auxílio na diagramação desta tese.

Ao prof. Dr. Sergio Russo Matioli, pelas dicas sobre os programas de análise de biologia molecular.

Ao querido e paciente Jihad Daou, pela revisão dos vários documentos em inglês, que precisei redigir.

Às plataformas de ciência cidadã, seus criadores e colaboradores, wikiaves e e-bird.

À todos os meus amigos e pessoas gentis que cruzaram o meu caminho durante esta jornada.

À Natureza por ser tão inspiradora e despertar em mim sempre os melhores sentimentos.

À minha querida e amada mãe (Mercedes Campos de Gouvêa), a minha humana preferida, que sempre me apoiou e me deu todo o suporte e carinho do mundo. Obrigada mãe, te amo!

ÍNDICE

página

I. INTRODUÇÃO **10**

1. Charadriiformes, Laridae, *Rynchops* e *Phaetusa*: taxonomia, sistemática, biologia e distribuição. 10

2. Biogeografia e Migração. 23

3. Estrutura populacional e conservação. 26

4. Estudos genéticos em aves marinhas. 27

5. Marcadores moleculares em estudos de estrutura populacional. 29

6. DNA mitocondrial (mtDNA). 30

7. NGS (*Next Generation Sequencing*), SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e RADseq (*Restriction site associated DNA sequencing*). 34

8. Justificativa. 38

II. OBJETIVOS **39**

III. MATERIAIS E MÉTODOS **40**

1. METODOLOGIA: taxonomia, morfologia e biogeografia 40

1. 1. Tratamento taxonômico 40

1. 2. Análise do material depositado em museus 40

1. 3. Biogeografia 42

2. METODOLOGIA: genética (marcadores moleculares) 43

2. 1. Marcadores 43

2. 2. Coleta das amostras genéticas 43

2. 3. Extração do DNA 46

2. 4. Amplificação por PCR e sequenciamento (mtDNA) 47

2. 5. Análises genéticas (mtDNA) 48

2. 6. *Double Digest Restriction Site Associated DNA Sequencing* (ddRADseq) 51

2. 7. *Bench protocol* - (*Annealing Adapters*) 52

2. 8. Bancada laboratorial – ddRADseq 53

2. 9. Sequenciamento RAD – *Illumina* HiSeq 2500 57

2. 10. Análises genéticas - ddRADseq 59

IV. RESULTADOS E DISCUSSÃO **64**

1. RESULTADOS E DISCUSSÃO: taxonomia, morfologia e biogeografia 64

1. 1. Taxonomia 64

Família Laridae 64

Subfamília Rynchopinae 64

Rynchops 65
Rynchops niger 66
Rynchops niger niger 68
Rynchops niger cinerascens 71
Rynchops niger intercedens 77
1. 2. Morfologia (*R. niger*) 78
Plumagem 79
Morfometria 81
Distribuição das peles (*R. niger*) 83
1. 3. Taxonomia 84
Subfamília Sterninae 84
Phaetusa 84
Phaetusa simplex 85
1. 4. Morfologia (*P. simplex*) 91
Plumagem 91
Morfometria 92
Distribuição das peles (*P. simplex*) 94
1. 5. Biogeografia 95
Zonas reprodutivas 95
Distribuição sazonal e precipitação ao longo do ano - na América do Sul 100
Regiões de invernada, transição e descanso 104
Ocorrência simultânea das subespécies sul-americanas de *Rynchops niger* 106
Motivadores da movimentação 107
Padrão de migração 109
2. RESULTADOS E DISCUSSÃO: genética (marcadores moleculares) 115
2. 1. RESULTADOS 115
2.1.1. DNA mitocondrial (*R. niger*) 115
Genética: diversidade, diferenciação, variação e fluxo gênico 115
Demografia 118
Mismatch distributions 119
Estrutura populacional 121
Análises Filogenéticas 122
2.1.2. DNA mitocondrial (*P. simplex*) 125
Genética: diversidade, diferenciação, variação e fluxo gênico 125
Demografia 127
Mismatch distributions 127
Estrutura populacional 128

Análises Filogenéticas 130
2.1.3. *D D Restriction Site Associated DNA Sequencing* (*R. niger*) 133
Genética: diversidade, diferenciação, variação e fluxo gênico 133
Agrupamento (A): as quatro principais grandes zonas reprodutivas do Brasil 133
Agrupamento (B): subespécies (*R. n. niger*, *R. n. cinerascens* e *R. n. intercedens*) 136
Agrupamento (C): população única 139
F_{ST} de Wright – Índice de fixação 141
Análise discriminante de componentes principais, *distance* e STRUCTURE 143
2.1.4. *D D Restriction Site Associated DNA Sequencing* (*P. simplex*) 147
Genética: diversidade, diferenciação, variação e fluxo gênico 147
Agrupamento (A): as duas grandes zonas reprodutivas do Brasil 147
Agrupamento (B): população única 149
F_{ST} de Wright – Índice de fixação 151
Análise discriminante de componentes principais, *distance* e *membership probability*... 151
2. 2. DISCUSSÃO 155
V. CONCLUSÕES 166
VI. RESUMO 170
VII. *ABSTRACT* 171
VIII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS 172
IX. ANEXOS 211
1. Táxons (autor, ano) citados na introdução (pgs. 10-22)..... 211
2. Tabela com as peles de *Rynchops niger* analisadas. 212
3. Tabela com as peles de *Phaetusa simplex* analisadas. 221
4. Tabela com as amostras genéticas utilizadas. 228
5. Tabela com as amostras finais utilizadas no NGS *Illumina*..... 234
6. Distribuição sazonal de *Rynchops niger*. 237

I. INTRODUÇÃO

1. Charadriiformes, Laridae, *Rynchops* e *Phaetusa*: taxonomia, sistemática, biologia e distribuição

Os representantes da ordem Charadriiformes são cosmopolitas e diversificados, incluem aves de pequeno, médio e grande porte, com alguns de seus representantes realizando as migrações mais extensas dentre todas as aves. Embora a coloração varie, a maioria dos Charadriiformes possui padrões de plumagem em tons de branco, cinza, marrom e/ou preto. A maioria vive próxima a regiões costeiras, enquanto outras são pelágicas e alguns poucos podem ser encontrados em desertos e em florestas densas (Del Hoyo, 1996; Sick, 1997; De Pietri *et al*., 2011).

Os hábitos alimentares e as técnicas de forrageamento são variados; encontram alimentos nos mais diversos ambientes, em mar aberto, nas praias, lagos, rios, poças de marés, mangues, lamaçais, revirando pedras, na serapilheira de florestas densas, costões rochosos, desertos, etc. (Del Hoyo, 1996; Sick, 1997). Entre os principais itens alimentares estão peixes, crustáceos, moluscos (terrestres, água-doce e marinhos), vermes (nematódeos, poliquetas, minhocas), insetos, ovos, krill. Algumas espécies de regiões mais frias se alimentam da placenta e excrementos de focas; lixo humano, filhotes de outras aves, pequenos ratos, lagartos, etc. Aves da família Chionidae se alimentam de algas. Algumas aves terrestres (Thinocoridae) comem principalmente matéria vegetal, como sementes, botões de flores, brotos e folhas (Del Hoyo, 1996; Sick, 1997).

Embora o arranjo e o número de gêneros, espécies e famílias variem de acordo com os diferentes autores (Murphy, 1936; Harrison, 1985; Sibley & Monroe, 1990; Burger & Gochfeld, 1996; Sick, 1997; Pons *et al*., 2005; Livezey, 2010; Burger *et al*., 2018), boa parte dos autores e das publicações mais atuais sugerem que existam, dentro dos Charadriiformes, cerca de 377 espécies, 92 gêneros, 19 famílias e seis subordens (Baker *et al*., 2007; Burger *et al*., 2018).

Atualmente, a composição mais aceita dentro da ordem é (subordem, família: numero de gêneros; número de espécies): subordem Chionidi, famílias: Burhinidae (2; 10), Chionidae (1; 2) e Pluvianellidae (1; 1). Subordem Charadrii, famílias: Haematopodidae (1; 9), Ibidorhynchidae (1; 1), Recurvirostridae (3; 7) e Charadriidae (12; 71). Subordem Thinocori, famílias: Pedionomidae (1; 1), Thinocoridae (2; 4), Rostratulidae (2; 3) e Jacanidae (6; 8).

Subordem Scolopaci, família: Scolopacidae (17; 91). Subordem Turnici, família: Turnicidae (2; 18). Subordem Lari, famílias: Pluvianellidae (1; 1), Dromadidae (1; 1), Glareolidae (5; 17), Stercorariidae (2; 7), Alcidae (11; 24) e Laridae (21; 101) (Baker *et al*., 2007; HBW, 2018).

Outros autores costumam dividir esta ordem em três subordens principais: Charadrii (aves limícolas, batuíras, quero-queros, pernilongos, etc.); Alcae (pequeno *auk*, *Uria*, etc.) e Lari (gaivotas, trinta-réis e talha-mares). No entanto, até hoje, os autores não entraram em um consenso quanto à organização taxonômica e o número de táxons pertencentes aos Charadriiformes; de forma que, ao longo dos anos, diversos arranjos foram propostos. Alguns autores acreditam que os Charadriiformes estejam relacionados às ordens Gruiformes e Columbiformes, outros discordam, de maneira que, certas famílias intermediárias foram removidas ou adicionadas por vários taxonomistas (Murphy, 1936; Pinto, 1938; 1964; Harrison, 1985; Sibley & Monroe, 1990; Burger & Gochfeld, 1996; Sick, 1997; Pons *et al*., 2005; Burger *et al*., 2018). A taxonomia de Sibley-Ahlquist (baseado em técnicas de biologia molecular, proposta no início da década de 1990) propôs integrar as famílias deste diversificado grupo na ordem Ciconiiformes, além de incluir a família Alcidae nos Larídeos (Sibley *et al*., 1988; Ahlquist & Sibley, 1990; Sibley & Ahlquist, 1990; Monroe & Sibley, 1993). A subordem Lari inclui seis famílias (Pluvianellidae, Dromadidae, Glareolidae, Stercorariidae, Alcidae e Laridae).

As famílias Pluvianellidae e Dromadidae apresentam apenas uma espécie cada, *Pluvianellus socialis* e *Dromas ardeola*, respectivamente. Os representantes da família Glareolidae são chamados de “perdizes-do-mar”, devido a sua semelhança com esta ave, a maioria se alimenta de insetos que capturam com as asas, podem habitar desertos e outras regiões áridas, inclui cinco gêneros e 17 espécies (*Stiltia*, *Glareola*, *Cursorius*, *Rhinoptilus* e *Pluvianos*), contudo, alguns autores considerem que *Pluvianus* deva ser incluso na família “Pluvianidae” (HBW, 2018; Maclean & Bonan, 2018).

A família Stercorariidae inclui dois gêneros e sete espécies (*Stercorarius* e *Catharacta*), conhecidos como “gaivota-rapineira” e “skuas”, são aves migratórias oceânicas, podem ser encontradas em ambientes frios, se alimentam de peixes, mas também podem alimentar-se de filhotes de pinguins, outros pássaros, coelhos e cadáveres em geral, também possui “comportamento cleptoparasita”, roubando o alimento de outras aves (Del Hoyo, 1996; Furness & Bonan, 2018).

A família Alcidae inclui 11 gêneros e 24 espécies (*Cerorhinca*, *Fratercula*, *Ptychoramphus*, *Aethia*, *Brachyramphus*, *Cepphus*, *Synthliboramphus*, *Alca*, *Pinguinus*†, *Uria* e *Alle*), conhecidos como *auks* são notáveis por sua capacidade de "voar" debaixo d'água, alguns são superficialmente semelhantes aos pinguins; no entanto, eles não estão intimamente relacionados com estes, mas acredita-se que sejam um exemplo de evolução convergente (Nettleship, 1996; Nettleship & Bonan, 2018).

A família Laridae inclui as gaivotas, os trinta-réis e os talha-mares; é sem dúvida a família mais representativa do grupo, com 21 gêneros e 101 espécies (Friesen *et al*., 1996a; Konyukhov, 2002; Moum *et al*., 2002; Gavin *et al*., 2004; Baker *et al*., 2007; Smith, 2011; 2015; Burger *et al*., 2018; Rands & Bonan, 2018).

A inclusão dos *auks* na subordem Lari é recente (Baker *et al*., 2007). Não é incomum encontrar a família Turnicidae inserida na subordem Lari, mas os dados moleculares e o registro fóssil sugerem que eles sejam uma ramificação basal (Paton *et al*., 2003; Gavin *et al*., 2004; Paton & Baker, 2006).

A classificação adotada pelo *Handbook of Birds of the World Alive* (Burger *et al*., 2018; HBW, 2018) difere ligeiramente da classificação do Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos - CBRO (2015) e do HBW (1996) (Burger & Gochfeld, 1996; Del Hoyo *et al*., 1996; Gochfeld & Burger, 1996; Zusi, 1996). No caso do HBW (2018) a família Laridae inclui, além das gaivotas, as espécies que antes eram consideradas como famílias, os trinta-réis (Sternidae) e os talha-mares (Rynchopidae). O CBRO (2015) e HBW (1996) consideram Sternidae e Rynchopidae como famílias distintas; no HBW (2018) estas passaram a ser consideradas como subfamílias, Sterninae e Rynchopinae (Burger & Gochfeld, 1996; Gochfeld & Burger, 1996; Zusi, 1996; CRBO, 2015; Piacentini *et al*., 2015; Burger *et al*., 2018).

Com relação à Sternidae, a validade deste táxon como família sempre foi questionada, para alguns autores (Harrison, 1985; Sick, 1997) esse grupo de espécies deveria estar incluso na família Laridae, juntamente com as gaivotas.

Baker e colaboradores (2007) mostraram que os talha-mares e o táxon dos trinta-réis não são monofiléticos, pelo contrário, eles se misturam em um clado com as gaivotas. Portanto, segundo estes autores, não é possível separá-los em famílias (Rynchopidae e Sternidae) sem tornar a família Laridae parafilética (Baker *et al*., 2007). Assim sendo, de acordo com Burger e colaboradores (2018), a família Laridae é composta por cinco subfamílias (Anoinae, Gyginae, Larinae, Rynchopinae e Sterninae).

A subfamília Anoinae, inclui dois gêneros (*Anous* e *Procelsterna*), encontrados em ilhas costeiras e oceânicas, a primeira, conhecida popularmente como viuvinha, possui coloração preta ou marrom-escura, já *Procelsterna* possui coloração cinza-clara (Gochfeld *et al*., 2018c). Segundo Cibois e colaboradores (2016), estes dois táxons formam um clado único; estes autores propuseram a existência de somente o gênero *Anous* e que *Procelsterna* deveria ser considerado como um sinônimo júnior. Contudo, estes táxons diferem consideravelmente quanto à plumagem.

A subfamília Gyginae, possui apenas um gênero, *Gygis*, ave de coloração branca, encontrada em ilhas oceânicas tropicais, chamada popularmente de grazina ou noivinha (Yeung *et al*., 2009).

A subfamília Larinae inclui oito gêneros (*Saundersilarus*, *Hydrocoloeus*, *Rhodostethia*, *Creagrus*, *Xema*, *Pagophila*, *Rissa* e *Larus*), conhecidos popularmente como gaivotas, sendo o gênero *Larus* o mais representativo (~45 espécies), presentes principalmente nas regiões costeiras. Apresentam uma dieta bastante ampla, alimentam-se de peixes, ovos, animais mortos, lixo humano, insetos, vermes, etc. (Gochfeld *et al*., 2018a; 2018b; 2018c).

A taxonomia de Larinae sempre foi confusa, provavelmente devido à sua extensa distribuição e à frequente troca genética entre as várias populações (levando a áreas de hibridação). Até “recentemente”, a maioria das espécies pertenciam ao gênero *Larus*; mas, estudos filogenéticos mais recentes, corroboraram para a divisão deste táxon em gêneros distintos (Cane, 1994; Pons *et al*., 2005; Dantas *et al*., 2012).

A subfamília Sterninae, inclui nove gêneros e 39 espécies (*Onychoprion* (4); *Sternula* (7); *Gelochelidon* (2); *Hydroprogne* (1); *Larosterna* (1); *Chlidonias* (4); *Sterna* (13); *Thalasseus* (6) e *Phaetusa* (1)) (Burger *et al*., 2018). Conhecidos popularmente como trinta-réis e/ou andorinhas-do-mar; são aves marinhas, com distribuição cosmopolita. Depois da subfamília Larinae, são os mais representativos dentro da família. E, provavelmente, os que apresentam mais problemas taxonômicos. Os autores parecem não entrar em um consenso quanto aos integrantes deste táxon, onde intermináveis e constantes inclusões e exclusões são realizadas dentro deste grupo. De forma que, o número de gêneros varia de três até dez, dependendo do autor (Moynihan, 1959; Harrison, 1985; Sibley & Monroe, 1990; Burger & Gochfeld, 1996; Sick, 1997; Baker *et al*., 2007; Gochfeld *et al*., 2018a; 2018b).

Antigamente, a maior parte das espécies de trinta-réis era incluída no gênero *Sterna*, caso de *Onychoprion*, *Sternula*, *Hydroprogne*, *Chlidonias*, *Thalasseus*, *Gelochelidon* e *Phaetusa*, exceção feita a *Larosterna inca*, devido a sua coloração escura (Linnaeus, 1758;

Moynihan, 1959; Collinson, 2006). Contudo, estudos mais detalhados, através de análises morfológicas mais cuidadosas e com dados genéticos e comportamentais, apoiaram a subdivisão destes táxons em gêneros distintos (Bridge *et al*., 2005; Collinson, 2006; Baker *et al*., 2007).

Com as contribuições de estudos genéticos, os trinta-réis passaram a ser tratados como uma família distinta, Sternidae (Paton *et al*., 2003; Gavin *et al*., 2004; Paton & Baker, 2006). Já, segundo outros estudos (Baker *et al*., 2007), os trinta-réis não são monofiléticos, pois se misturam em um clado com as gaivotas, desta forma, não seria possível separá-los em uma família exclusiva, sem tornar a família Laridae parafilética.

Até 1996, Burger e Gochfeld, diziam haver boas razões para tratar os trinta-réis como uma família separada, devido aos caracteres morfológicos que os distinguem de todas as gaivotas. Hoje, estes autores (Burger *et al*., 2018), aceitaram as conclusões de Baker *et al*., (2007), considerando os trinta-réis uma subfamília, Sterninae, separado das gaivotas, mas incluídos na mesma família, Laridae.

Independentemente do nível taxonômico atribuído, publicações baseadas em osteologia, comportamento, histologia e dados moleculares corroboram uma relação maior entre gaivotas (Larinae) e trinta-réis (Sterninae) do que entre os trinta-réis e os talha-mares (Rynchopinae). Outros autores propuseram que os gêneros da família Laridae, *Anous* e *Procelsterna* estão mais relacionados aos talha-mares do que aos trinta-réis (Cane, 1994; Burger & Gochfeld, 1996; Paton, *et al*., 2003; van Tuinen *et al*., 2004; Bridge *et al*., 2005; Paton & Baker 2006; De Pietri *et al*., 2011).

Os membros de Sterninae apresentam comportamento migratório e plumagem com duas fases distintas, uma reprodutiva, de curta duração, e outra de descanso ou invernal, que perdura por mais tempo; são encontrados perto do mar, rios ou zonas úmidas; são aves delgadas, com caudas bifurcadas, asas estreitas e pernas relativamente curtas. A maioria das espécies possui plumagem cinza-clara na região dorsal do corpo e branca na região ventral, normalmente com o vértice e mascara preta, mas algumas espécies do gênero *Chlidonias* e *Larosterna inca* apresentam plumagem escura; no primeiro caso, pelo menos durante parte do ano. Até onde se sabe, não apresentam dimorfismo sexual, mas os jovens são facilmente distinguíveis dos adultos. Costumam reproduzir-se em colônias médias e grandes, depositam seus ovos em solo nu com pouco ou nenhum material de ninho. Algumas constroem ninhos flutuantes na vegetação (*Chlidonias*), outras constroem ninhos simples em árvores, em penhascos ou em fendas. A maioria das espécies alimenta-se de peixes capturados durante o

mergulho (a partir do voo), mas algumas também comem insetos (*Chlidonias*); as espécies de maior porte podem suplementar a alimentação com pequenos vertebrados terrestres (Burger & Gochfeld, 1996; Sick, 1997).

Muitos trinta-réis são migrantes de longa distância; sendo a andorinha-do-ártico (*Sterna paradisaea*) capaz de realizar uma das maiores migrações conhecida no reino animal. Todo ano voa de suas áreas de reprodução do Ártico para a Antártida (e vice-versa), a distância mais curta entre essas áreas é de 19.000 km, mas já foram registrados migrações de 80.000 km; a longa jornada garante que esta ave veja dois verões por ano (Egevang *et al*., 2010; Fijn *et al*., 2013).

A subfamília Rynchopinae Bonaparte (1838), cujos representantes também são migratórios, abriga apenas um gênero (*Rynchops*) e três espécies (*R. niger*, *R. albicollis* e *R. flavirostris*), popularmente conhecidos como talha-mares ou corta-águas (Zusi, 1996). Estas espécies possuem um padrão de distribuição pantropical, único entre as aves, cuja distribuição cobre as regiões tropicais de todos os continentes, se estendendo desde as regiões subtropicais até as margens das zonas temperadas, com uma espécie ocorrendo na África (talha-mar-africano, *R. flavirostris*), uma na Ásia (talha-mar-indiano, *R. albicollis*) e uma nas Américas (talha-mar-americano, *R. niger*) (Zusi, 1996; CBRO, 2015).

Devido à ausência de fósseis de Rynchopinae conhecidos, as estimativas da história filogenética dos talha-mares são baseadas inteiramente em comparações anatômicas, comportamento e na comparação molecular de espécies atuais. Anatomistas do século XIX e inicio do século XX, incluíram os talha-mares dentro da ordem Charadriiformes e na subordem Lari. As três espécies existentes de Rynchopinae, estão inclusas somente em um gênero, pois são muito similares entre si, compartilham comportamento de forrageamento único, associado a adaptações estruturais únicas, além de se assemelharem no padrão de plumagem (Grant *et al*., 1984; Burger *et al*., 1994; Zusi, 1996; Baker *et al*., 2007).

A subfamília Rynchopinae ocorre em uma vasta área geográfica, com o talha-mar-indiano (*R. albicollis*) ocorrendo no sul da Ásia, o talha-mar-africano (*R. flavirostris*) em grande parte da África e o talha-mar-americano (*R. niger*) nas américas (Curry-Lindahl, 1981; Nisbet *et al*., 2013; Zarza *et al*., 2013; Zusi *et al*., 2018).

As aves sul-americanas e da Ásia possuem preferência pelos grandes rios e estuários, já as da África preferem os grandes rios e lagos. As aves norte-americanas são atípicas, preferindo zonas costeiras e ilhas restritas. A maior parte do conhecimento sobre a biologia dos talha-mares é baseada no talha-mar norte-americano (*R. niger niger*); os outros táxons

deste grupo foram pouco estudados, de forma que, muito dos seus hábitos ainda são pouco documentados (Coppinger *et al*., 1988; Zusi, 1996; Sick, 1997; Das, 2015).

Devido ao fato dos representantes deste táxon apresentarem o bico modificado e adaptado para um método único de forrageio entre as aves, eles foram considerados como uma família distinta, desde os primeiros arranjos sistemáticos, família Rynchopidae (Zusi, 1996). Contudo, como mencionado anteriormente, hoje é considerado por alguns autores como uma subfamília (Rynchopinae) dentro de Laridae, e não uma família distinta (Baker *et al*., 2007; Burger *et al*., 2018).

O talha-mar adulto possui plumagem marcante e vistosa, sendo esta fortemente enegrecida na região dorsal e puramente branca na porção ventral, o bico é laranja-avermelhado e os pés vermelhos. Mudanças sazonais são pequenas, com a aquisição de um colar branco durante a estação não reprodutiva (em *R. niger* e *R. flavirostris*). Os juvenis apresentam coloração marrom salpicado de cinza-escuro e amarelo-claro. A plumagem dos filhotes recém eclodidos é amarelada, ideal para camuflagem na areia. Com cerca de seis meses, as aves já se assemelham aos adultos em muitos aspectos, mas, ainda assim, é possível distingui-los facilmente (Zusi, 1996; Sick, 1997).

As pernas são bastante curtas e os três dedos da frente são conectados por membranas interdigitais, que podem ajudar na sustentação da ave quando ela está de pé na areia ou na lama, e provavelmente oferece algum auxílio no comportamento de termorregulação. Os *Rynchops* podem caminhar, mas eles não nadam ou mergulham (Zusi, 1996; Sick, 1997).

A característica mais marcante dos *Rynchops* é, sem dúvida, o bico, no qual a mandíbula e maxila são diferentes em formato e tamanho; o bico é “adaptado para arar” a água com pouca resistência. A mandíbula pode ser aproximadamente três centímetros mais longa do que a maxila. O filhote nasce com o bico normal, o que pode significar que o bico singular do adulto é uma estrutura que está intimamente relacionado com o método de forrageamento. O bico alcança a proporção dos adultos em aproximadamente três meses. O bico do adulto não pode ser usado efetivamente para bicar ou agarrar coisas, para poder pegar objetos no chão ele precisa virar a cabeça de lado; esta limitação pode explicar a falta de ninhos construídos nesta subfamília (Tomkins, 1951; Zusi, 1962; 1996; Sick, 1997).

O método de forrageamento é único e consiste em voar ao longo da água, com o bico aberto, com a mandíbula parcialmente submersa, como se fosse uma tesoura aberta, daí o nome, corta-água. “Talhar ou cortar a água (*Skimming*)” provou ser um método eficiente, e

por ser mais táctil do que visual, permite que os talha-mares alimentem-se no crepúsculo, em águas escuras e durante a noite (Tomkins, 1951; Zusi, 1996; Sick, 1997).

Os filhotes recém-emplumados instintivamente tentam arar as dunas de areia e as margens das praias, imitando o comportamento dos adultos; eles aprendem cedo, e de maneira mais adequada como forragear na companhia de seus pais (Zusi, 1996).

Os talha-mares frequentam a orla de praias marinhas, praias de rios e lagos, nas zonas temperadas e tropicais. A maioria dos forrageamentos ocorre em águas calmas e rasas (sem vegetação), forrageiam com maior efetividade onde a presa está concentrada; alimentam-se quase que exclusivamente de peixes, mas, camarões também são importantes e fazem parte da dieta (Coppinger *et al*., 1988; Zusi, 1996; Sick, 1997; Das, 2015; Antas *et al*., 2016).

Os talha-mares também são ativos durante a noite, os olhos possuem uma grande abertura para a pupila, provavelmente com função de proteger da forte luz do dia, que é refletida pelas areias brancas da praia; contudo, a pupila se fecha no formato de uma fenda vertical estreita, outra adaptação única entre as aves (Nicholson, 1948; Zusi, 1996).

A maior parte da reprodução na América do Sul, África e Ásia meridional acontece entre abril e novembro, durante a época de baixa nos grandes rios, mas as datas variam de localidade e de ano para ano, dependendo do termino da estação chuvosa nas cabeceiras. Na América do Norte, a reprodução é mais estritamente sazonal, normalmente de abril a julho, contudo pode ser estendida até o início de setembro, nos eventos de seca (Zusi, 1996).

Os talha-mares são aves coloniais, nidificam junto com algumas espécies de trinta-réis, algumas vezes com gaivotas, maçaricos e outras espécies ou podem formar colônias somente de talha-mares. As colônias costumam ter em média menos de 200 pares, mas, algumas vezes, muitas centenas de pares podem se unir em uma colônia, sem contar as outras espécies associadas (Zusi, 1996).

Os sítios reprodutivos preferidos dos talha-mares na América do Norte são os locais mais isolados, como ilhas costeiras e praias, mas as aves também nidificam em esteiras de vegetação morta, depositadas em pântanos de água salgada (“mangues”). Quando selecionam um sitio reprodutivo em um determinado ano, as aves podem retornar ao seu local de reprodução anterior, ou podem ser atraídas por outras aves e nidificar em uma localidade nova. Quando as condições não são favoráveis, os talha-mares irão nidificar novamente em um lugar diferente, no mesmo ano. Estudos em Nova Jersey, EUA, mostraram que os *Rynchops niger* norte-americanos são mais propensos a escolher um novo sitio reprodutivo no

ano seguinte, se a colônia do ano anterior foi destruída por predadores (Erwin, 1977b; Coppinger *et al*., 1988; Zusi, 1996; Sick, 1997; Das, 2015).

Os ninhos são formações simples na areia, consistindo em um buraco com aproximadamente 20-30 cm de diâmetro e 2-4 cm de profundidade. A cópula ocorre no local do ninho, depois do macho oferecer um peixe para a fêmea. O tamanho da ninhada varia de 2-6 ovos, e a média é de 3-4 (Zusi, 1996; Zusi *et al*., 2018).

Populações que se reproduzem no nordeste da América do Norte deslocam-se para o Sul até a Flórida e costa do Golfo. Já a maioria dos indivíduos que nidificam durante o inverno desloca-se para as regiões costeiras da América Central (até o sul do Panamá). Nos grandes rios sul-americanos (*R. niger*), na África (*R. flavirostris*) e no sul da Ásia (*R. albicollis*), as aves migram entre seus locais de reprodução acima dos rios e para os seus locais de não reprodução próximos a foz do rio ou nas regiões costeiras e para grandes lagos; as distâncias podem ser de centenas e até milhares de km. Na África, *Rynchops flavirostris* deixam os rios principais para passar temporadas não reprodutivas no Lago Chade, nos lagos do Vale Rift, ou em outros sítios (Coppinger *et al*., 1988; Zusi, 1996; Das, 2015).

Os talha-mares africano e indiano são os menos estudados e os mais ameaçados; o primeiro é considerado quase ameaçado de extinção e o segundo é considerado ameaçado (IUCN, 2018). A velocidade do declínio de suas populações é preocupante; fatores como a pulverização de DDT para malária e pragas agrícolas são uma ameaça para estas aves comedoras de peixe. Além disso, a perturbação da colônia por humanos (coleta de ovos) e pisoteio de ninhos por gado (no caso do africano, o agravante de hipopótamos e elefantes); existem ainda inundações de ninhos causadas pelo tráfego de barcos (que formam ondas), etc. Mas, em todos os casos, a principal causa de declínio é a perda de habitat (Williams, 1986; Tyler, 2004; Gopi *et al*., 2006; Demey *et al*., 2007; Das, 2015; Dilawar & Sharma, 2016; IUCN, 2018).

O talha-mar-americano, *R. niger*, diferencia-se das outras espécies de *Rynchops* (*R. flavirostris* e *R. albicollis*) por apresentar a porção distal do bico preta, motivo pelo qual seu nome em inglês é *Black Skimmer*; além disso, é maior do que *R. flavirostris*, e diferente de *R. albicollis* apresenta a região dorsal do pescoço totalmente preta durante a estação reprodutiva, enquanto *R. albicollis* possui a plumagem do pescoço sempre branca (Zusi, 1996).

Rynchops niger foi originalmente descrito por Linnaeus (1758), e possui, atualmente, três subespécies aceitas: *R. niger niger* Linnaeus, 1758, *R. niger cinerascens* Spix, 1825 e *R. niger intercedens* Saunders, 1895.

A subespécie norte-americana, *R. niger niger*, é sem dúvidas a mais bem estudada e documentada e possui hábitos que diferem das outras duas subespécies (*R. n. cinerascens* e *R. n. intercedens*). A forma nominal possui preferencia por regiões costeiras e ilhas isoladas para a nidificação, podendo fazer ninhos em cima da vegetação; já as subespécies sul-americanas nidificam em praias de rios e os ninhos são cavidades rasas na areia (Zusi, 1996).

De maneira geral, postulou-se que, *R. n. niger* é encontrado nas costas dos EUA, México e Panamá; *R. n. cinerascens* é encontrado na Colômbia, norte do Brasil, Equador, sul da Bolívia, Chile, Panamá, Trinidad e em algumas partes da Argentina; e *R. n. intercedens* pode ser encontrado em vários estados do Brasil, principalmente nas regiões costeiras (com exceção do Norte), no Paraguai, no Uruguai e em algumas partes da Argentina.

Contudo, uma revisão mais abrangente sobre a validade destes táxons nunca foi realizada. Além disso, existe, uma enorme imprecisão sobre a real área de distribuição de cada táxon (Harrison, 1985; Sick, 1997). Sabe-se que os talha-mares migram após o período reprodutivo, mas não há muita informação sobre os locais para onde se movimentam após a nidificação. Postulou-se, por exemplo, que *R. n. intercedens*, cuja reprodução poderia se concentrar no sul do Brasil, migraria em direção ao Sul do continente sul-americano (Antas *et al*., 2016).

Como mencionado anteriormente, *Phaetusa simplex* (Sterninae) corresponde a um gênero monotípico, conhecido popularmente como trinta-réis-grande (*Large-billed Tern*), está dentre os maiores trinta-réis (43 cm) e assim como a maioria das espécies deste grupo, possui vértice e máscara preta durante a estação reprodutiva; a região dorsal do corpo é cinza e a ventral puramente branca, as retrizes primária são pretas; possui bico grande e robusto amarelo-limão (as pernas são da mesma cor). Os ninhos são espaços simples e rasos na areia, botam de 2-3 ovos. Alimenta-se de peixes que, normalmente, captura próximo a superfície da água. É uma espécie sul-americana, com preferência pelos rios e lagos, mas pode ser encontrada nas regiões costeiras do oceano Atlântico. Nidifica em praias de rios, sendo chamada pelos índios do alto Xingu de Xerimbabos (= setembro), em referência a época em que são mais abundantes nesta região (Sick, 1997; Gochfeld *et al*., 2018b).

Phaetusa simplex foi descrita por Gmelin (1789), com base em um exemplar imaturo e combinada originalmente com o gênero *Sterna*, sendo transferida por Wagler (1832) para o

gênero *Phaetusa*. Mesmo após a criação de um gênero próprio (ainda hoje monotípico), outros autores propuseram que esta espécie deveria pertencer ao gênero *Thalasseus* ou retornar para o gênero *Sterna* (Hellmayr & Conover, 1948; Blake, 1977). *Phaetusa simplex* possui duas subespécies (*P. s. simplex* (Gmelin, 1789) e *P. s. chloropoda* (Vieillot, 1819)); contudo, a distribuição de ambas é imprecisa. Admite-se que a forma nominal se reproduza na Colômbia, Venezuela e no estado do Amazonas, enquanto que para *P. s. chloropoda* foram detectados sítios reprodutivos no Paraguai, Uruguai e norte da Argentina (Murphy, 1936; Harrison, 1985). As aves da região central do Brasil (MT, MG e TO) ora são atribuídas à forma nominal (Blake, 1977), ora à *P. s. chloropoda* (Pinto, 1938), ou ainda de atribuição duvidosa (Pinto, 1938; 1964). Desta maneira, a distribuição de cada subespécie, bem como os locais para onde as aves migram após ciclo reprodutivo, até hoje, não são bem conhecidos (Harrison, 1985; Gochfeld & Burger, 1996). Além disso, nenhuma revisão rigorosa destes táxons foi feita.

Os *Rynchops niger* (sul-americanos) e *Phaetusa simplex* nidificam em conjunto, compartilhando as mesmas colônias reprodutivas, nas localidades onde são sintópicas (Figura 1). Estas aves nidificam nas praias fluviais dos grandes rios sul-americanos, durante o período de seca, no qual as águas dos grandes rios baixam, deixando expostos extensos bancos de areia. Neste período, os principais predadores de ovos e jovens incluem pequenos e médios carnívoros, aves de rapina, cobras e lagartos. Os talha-mares se beneficiam dos ataques agressivos que os trinta-réis-grandes direcionam aos predadores, e algumas vezes, participam deste comportamento, particularmente quando os trinta-réis-grandes são menos numerosos (Burger & Gochfeld, 1992a; 1994; 1996; Zusi, 1996).

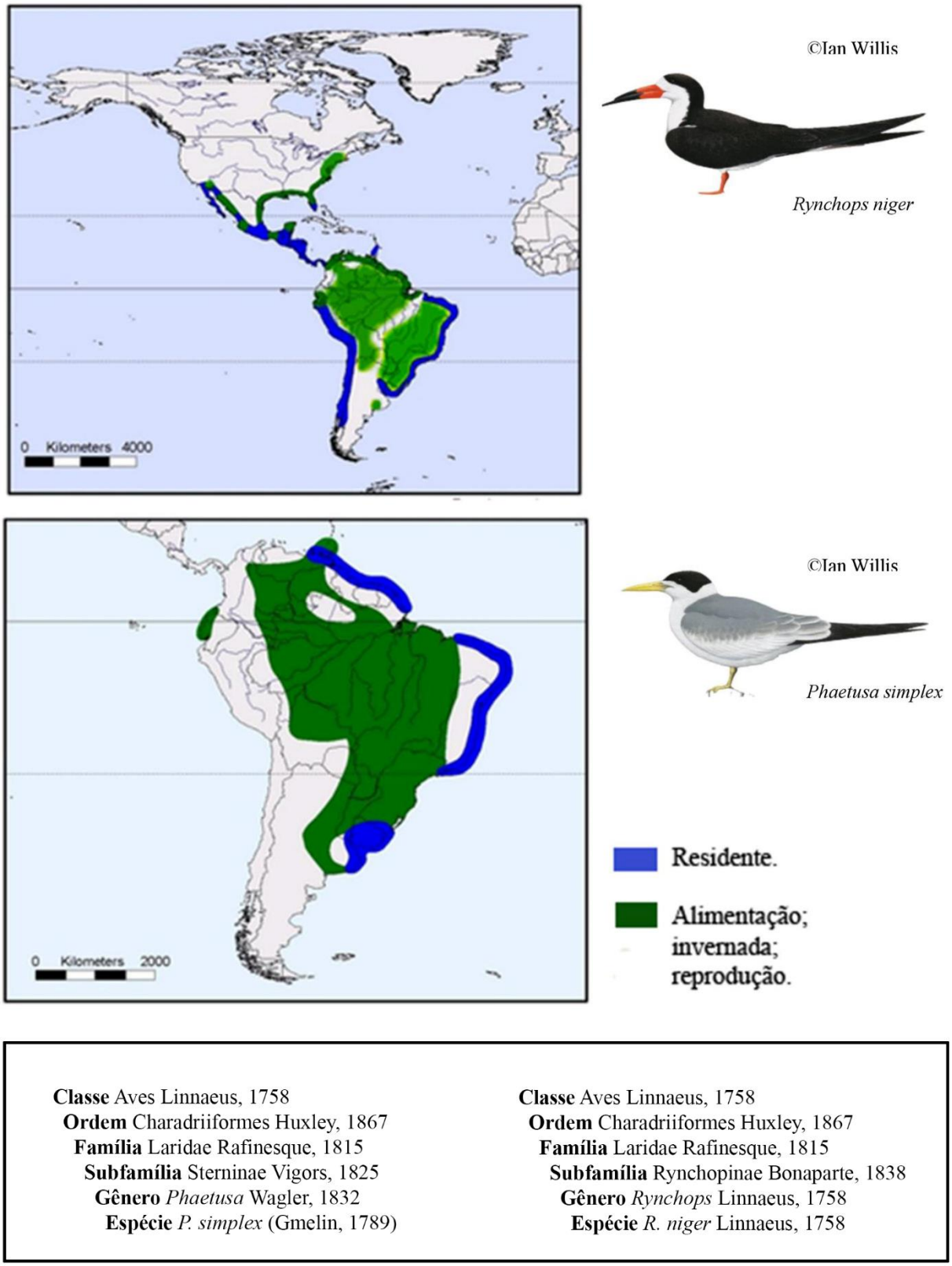
Como mencionado anteriormente, a área e o limite de distribuição de cada táxon são ainda pouco conhecidos, assim como os locais para onde migram após o período reprodutivo (Harrison, 1985; Burger & Gochfeld, 1996; Zusi, 1996; Gochfeld *et al*., 2018b; Zusi *et al*., 2018).

O fato destas espécies apresentarem ampla distribuição e baixas densidades dificulta a realização de estimativas populacionais; além disso, os poucos mapas existentes são imprecisos (Figura 2). Desta maneira, sem censos precisos que determinem o tamanho dessas populações e sem dados publicados sobre as ameaças às populações dessas aves, não é possível classificá-las corretamente quanto a sua vulnerabilidade.

Atualmente, *R. niger* e *P. simplex* não são consideradas ameaçadas de extinção (IUCN, 2018), mas essa classificação pode não representar a situação real dessas espécies.

Apesar disso, é inegável que os seus ambientes estão ameaçados, principalmente devido a fatores como poluição, sobrepesca, dizimação da fauna de peixes nativos por peixes predadores introduzidos, mudanças climáticas (que afetam o período de cheia e estiagem); perda de habitat através da mineração, construção de hidroelétricas, coleta de ovos, represamento de grandes rios, que neste ultimo caso, reduz o risco de inundações, e encoraja as populações humanas a se moverem para estes locais, e ainda influencia diretamente sobre os ciclos dessas ave (podendo explicar falhas ocasionais nos ciclos reprodutivos nos últimos anos no norte do Pantanal mato-grossense) (Gochfeld, 1979; Burger & Gochfeld, 1994; 1996; Zusi, 1996; Antas, *et al*., 2016; IUCN, 2018). Todos estes fatores são de extrema preocupação e contribuem de forma direta para o declínio destas populações.

Figura 1. Talha-mares (*Rynchops niger*) e trinta-réis-grandes (*Phaetusa simplex*), ambas as espécies nidificam em conjunto, compartilhando as mesmas colônias reprodutivas, nas localidades onde são sintópicas. Localidade da foto: Reserva de Desenvolvimento Sustentável Mamirauá (AM). Foto: Pedro Nassar.



Classe Aves Linnaeus, 1758
Ordem Charadriiformes Huxley, 1867
Família Laridae Rafinesque, 1815
Subfamília Sterninae Vigors, 1825
Gênero *Phaetusa* Wagler, 1832
Espécie *P. simplex* (Gmelin, 1789)

Classe Aves Linnaeus, 1758
Ordem Charadriiformes Huxley, 1867
Família Laridae Rafinesque, 1815
Subfamília Rynchopinae Bonaparte, 1838
Gênero *Rynchops* Linnaeus, 1758
Espécie *R. niger* Linnaeus, 1758

Figura 2. Distribuição de *Rynchops niger* Linnaeus, 1758 e *Phaetusa simplex* (Gmelin, 1789). Fontes: IBC, 2014; surinambirds, 2014. Classificação taxonômica: HBW, 2018.

2. Biogeografia e Migração

A biogeografia estuda a distribuição dos seres vivos no espaço e através do tempo, entre os seus objetivos, procura entender a forma (o padrão) como os organismos estão distribuídos no planeta e por que esses organismos estão onde estão. Diversos são os fatores que influenciaram e podem estar influenciado o modo como os organismos estão distribuídos, como a tectônica de placas, soerguimentos, estreitamento e alargamento do leito de um rio, glaciações, vegetação, clima, umidade, correntes marinhas, etc. (Craw, 1984; Crisci *et al*., 2003).

Já a migração é caracterizada pelo deslocamento cíclico e sazonal dos indivíduos entre seus sítios de reprodução e de repouso reprodutivo. A migração das aves provavelmente evoluiu independentemente várias vezes nos diferentes táxons e regiões do mundo, e, certamente é um dos fenômenos mais fascinantes e intrigantes da biologia, tendo despertado a curiosidade e admiração humana desde os tempos mais antigos (Able, 1999; Berthold, 2001; Rappole, 2013; Somenzari *et al*., 2018).

Os estudos da migração das aves começaram a se intensificar no século XIX, quando estudos mais detalhados em laboratório começaram a ser realizados. Hoje, sabemos que os dias mais longos do final do inverno e início da primavera estimulam o lobo anterior da hipófise a entrar em atividade, liberando hormônios que acarretam em mudanças fisiológicas e comportamentais, desencadeando o desenvolvimento das gônadas e o acúmulo de gordura. Estas modificações estimulam as aves a migrarem para o seu sítio reprodutivo (Gwinner, 1990). Em regiões tropicais, onde há pouca variação no fotoperíodo (comparando-se com as a regiões temperadas), outros fatores como a precipitação e frutificação podem estimular a migração (Sick, 1997).

A intensificação nos estudos migratórios, bem como o dinamismo dos padrões e tipos de migração apresentados pelas diferentes espécies de aves, resultou em distintas abordagens metodológicas, que continuam em constante aperfeiçoamento. Estas metodologias variam desde a observação direta, coletas com redes-de-neblina ou armas de fogo, registros acústicos, radares, estudos laboratoriais (orientação, fisiologia e comportamento), telemetria, geolocadores, marcação por anilhamento, conteúdo estomacal, isótopos estáveis e fluxo gênico a partir de marcadores moleculares (Elphick, 2007; Pedler *et al*., 2014; Palm *et al*., 2015; Davenport *et al*., 2016). Estas metodologias têm auxiliado no delineamento dos padrões de migração. Contudo, definir tipos ou padrões de migração não é fácil. Cerca de metade das espécies de aves existentes migram, mas os movimentos de cada espécie são únicos. Elas

podem ser desde distâncias curtas, de algumas centenas de quilômetros, até voos que circunavegam o globo (Berthold, 2001; Elphick, 2007; Newton, 2008; Chesser, 2010; Davenport *et al*., 2012; 2016).

A grande maioria dos estudos já desenvolvidos sobre a migração de aves tem como base as espécies que se reproduzem no Hemisfério Norte e migram para o Hemisfério Sul no inverno. Mas, em todos os casos, o estímulo que leva à migração parte de uma condição de baixa disponibilidade de recurso para outra onde o recurso é abundante, embora alguns autores também defendam que a diminuição de competição, predadores e mudanças nas condições atmosféricas possam estar envolvidas (Able, 1999; Berthold, 2001; Newton, 2008; Davenport *et al*., 2016).

O significado do termo "migração neotropical" é muito controverso e ainda hoje continua alvo de intensos debates, o que dificulta as estimativas no número destes migrantes. Atualmente, o número de migrantes neotropicais pode variar de 199 a 386, dependendo do conceito adotado (Hagan & Johnson, 1992; Stangel, 1992; Koford *et al*., 1994; Levey, 1994; Hayes, 1995; DeGraaf & Rappole, 1996).

Diversos autores (Levey, 1994; DeGraaf & Rappole, 1996) argumentam que os "migrantes neotropicais" incluem aves que nidificam em regiões neárticas e invernam em regiões neotropicais. Outros autores (Hagan & Johnson, 1992; Stangel, 1992; Koford *et al*., 1994), incluem nesta lista as espécies que migram exclusivamente dentro da região neotropical. Hayes (1995) redefiniu este e outros termos levando em consideração o local onde os migrantes se reproduzem. Segundo este autor, a "migração neotropical e austral": inclui espécies que se reproduzem na América do Sul e migram em direção ao norte durante a estação não reprodutiva (o contrário seria a "migração neártica e boreal") e a "migração intratropical" incluiria as espécies que se reproduzem nos trópicos e migram para outras áreas dos trópicos. Estes termos podem não ser exclusivos e uma espécie pode cair dentro de mais de um conceito.

Independente do conceito adotado e dos estudos migratórios na América do Sul serem escassos, sabe-se que os padrões de movimentação das aves do neotrópico diferem daqueles encontrados no Hemisfério Norte. A sazonalidade é significativamente menos acentuada do que a observada no Norte, que possui invernos tão rigorosos que forçam as aves residentes a partirem em busca de novas áreas. Em contrapartida, nas regiões neotropicais, a sazonalidade é bem menos evidente e os recursos estão quase sempre presentes, mesmo que em menor

quantidade. Assim, os migrantes neotropicais tendem a migrar distâncias mais curtas (DeGraaf & Rappole, 1996).

A maioria das migrações de aves terrestres na América do Sul são de indivíduos que se reproduzem em áreas temperadas ao Sul e que se deslocam para áreas de invernada ao Norte (migração austral) (Chesser, 2010; Rappole; 2013), como as andorinhas *Notiochelidon cyanoleuca* e *Progne tapera*, que podem chegar até o México. Outras aves realizam migrações mais curtas, se reproduzindo em regiões temperadas do centro da Argentina e do Chile e então migram até o norte da América do Sul, como alguns tiranídeos (Stotz *et al*., 1996).

Existem ainda os migrantes altitudinais, que passam o verão em grandes altitudes nos Andes e então, no inverno, viajam distâncias curtas para chegar às planícies circundantes (ex.: *Chloephaga melanoptera*) (Jahn *et al*., 2009; 2013; Davenport *et al*., 2012). Outras espécies possuem um padrão Leste-Oeste ao invés de Norte-Sul. Geralmente, este tipo de migração é realizado por aves que estão aproveitando melhor o clima invernal e os recursos proporcionados pela região costeira, e tal migração é comum em espécies aquáticas, que devem permanecer próximas a corpos d'água (Chesser, 1994; Faaborg *et al*., 2010).

É importante ressaltar que os conceitos de migração apresentam diferentes conotações entre as áreas da ecologia e da genética. Para a ecologia a migração inclui variados tipos de movimentos realizados por populações animais, sendo mais expressivas aquelas que incluem viagens anuais de longa distância e que envolvem ida e volta para sítios de reprodução e alimentação, mas não necessariamente apresentam eventos reprodutivos ou troca de material genético. A maioria dos estudos nesta área é feita através da marcação e recaptura, mas podem ser utilizados outros métodos, como telemetria, consulta a coleções (coletas), etc. (Dantas *et al*., 2013).

Já para os estudos em genética, migração implica em fluxo gênico, ou seja, além do simples movimento de indivíduos, os migrantes têm que se reproduzir e passar o seu material genético adiante na população para a qual migrou; somente desta forma, os efeitos da migração serão detectados na composição genética das populações (Futuyma, 2009; Dantas *et al*., 2013).

Apesar do considerável número de espécies migrantes neotropicais e neárticas que usam os habitats da América do Sul, as informações sobre a migração destas aves nesta região são quase inexistentes (Faaborg *et al*., 2010; Somenzari *et al*., 2018). Essa escassez de trabalhos com migrantes intratropicais é ainda mais expressiva no que concerna aves

aquáticas neotropicais, de maneira que a maioria dos padrões, até mesmo de importantes regiões pantaneiras ainda são desconhecidos (Antas, 1994; Stotz *et al*., 1996; Chesser, 2010; Antas *et al*., 2016).

Os talha-mares (*Rynchops niger*) e os trinta-réis-grandes (*Phaetusa simplex*) representam exemplos clássicos da escassez de estudos com aves aquáticas migratórias sul-americanas. O fato de apresentarem ampla distribuição e baixas densidades dificulta a realização de estimativas populacionais (Gochfeld & Burger, 1996; Zusi, 1996). Atualmente, estes táxons não são considerados ameaçado (BirdLife Interational, 2018; IUCN, 2018), mas essa classificação pode não representar a situação real dessas espécies (Lambertucci *et al*., 2014).

Informações sobre a migração destas aves dentro da América do Sul são praticamente inexistentes (Faaborg *et al*., 2010; Rappole, 2013; Davenport *et al*., 2016). Em verdade, há uma enorme imprecisão sobre a real área de distribuição de cada táxon, bem como os locais para onde migram após a reprodução (Sick, 1997; Livezey & Zusi, 2007; Antas *et al*., 2016; Davenport *et al*., 2016). Desta forma, embora seja reconhecida a relevância desse grupo de aves aquáticas, ainda existem grandes lacunas no conhecimento de diversos aspectos de sua biologia (Gochfeld & Burger, 1996; Zusi, 1996; Davenport *et al*., 2016).

3. Estrutura populacional e conservação

As diretrizes de manejo podem variar significativamente de uma espécie para outra, dependendo da estrutura genética de suas populações (Futuyma, 1998; Frankham *et al*., 2002). O fluxo gênico é um dos fatores que influencia o grau de estruturação das subpopulações, pois a migração tende a impedir a diferenciação (Futuyma, 1998; Wang & Caballero, 1999). Assim sendo, a população é a unidade ecológica evolutivamente funcional, na qual mudanças genéticas e adaptações locais ocorrem. Em termos conservacionistas, a população parece ser a unidade mais importante de preservação da biodiversidade (Meffe & Caroll, 1997; Faria *et al*., 2007).

Desta maneira, informação sobre a distribuição da variação genética intra e interpopulacional são necessárias para identificação de unidades evolutivamente significantes (ESU - *Evolutionary Significant Units*) (Moritz, 1994a; 1994b; Faria *et al*., 2007; Dantas *et al*., 2013). Essa identificação de ESUs é ainda mais importante em espécies ameaçadas ou

expostas a graves distúrbios antrópicos, para que esforços conservacionistas possam ser direcionados de maneira mais eficiente (Haig, 1998; Petit *et al*., 1998; Faria *et al*., 2007; 2010). Desta maneira, estudos de estrutura populacional se fazem necessários no grupo dos trinta-réis e dos talha-mares, pois, apesar da grande importância ecológica destas aves no equilíbrio do ecossistema e das cadeias tróficas das quais fazem parte, elas sofrem diversos tipos de ameaças à sua sobrevivência (Ashmole *et al*., 1994; Nisbet, 1994; Burger & Gochfeld, 1996; Courchamp *et al*., 2003; Blackburn *et al*., 2004; Gurevitch & Padilla, 2004; Faria *et al*., 2007; Cameron, 2008; Erwin *et al*., 2011; Dantas *et al*., 2012).

4. Estudos genéticos em aves marinhas

Apesar do número de trabalhos com dados moleculares, envolvendo aves, terem aumentado nestas últimas décadas, a maior parte dos estudos é relacionada a espécies terrestres, principalmente Passeriformes (Eberhard & Bermingham, 2004; Ribas *et al*., 2009; Sheldon *et al*., 2009; Maldonado-Coelho *et al*., 2013; Harvey & Brumfield, 2015; Winger *et al*., 2015; Lim *et al*., 2017).

Nos bancos de dados internacionais de sequências genéticas (GeneBank, EMBL, PDB, etc.), a maioria das sequências de aves marinhas depositadas são provenientes de trabalhos de cunho filogenético, principalmente os de grandes grupos (Hedges & Sibley, 1994; Stanley & Harrison, 1999; Shapiro & Dumbacher, 2001; Moum *et al*., 2002; Paton *et al*., 2003; Austin *et al*., 2004; Bridge *et al*., 2005; Baker *et al*., 2007; Yoon *et al*., 2015; Hu *et al*., 2017). Poucos foram os envolvendo grupos filogenéticos mais restritos (Hedges & Sibley, 1994; Crochet & Desmarais, 2000; Bridge *et al*., 2005).

Estudar a variabilidade genética é extremamente importante, pois permite inferir se as populações estão mantendo o seu *fitness*, ou seja, sua aptidão e capacidade de responder a mudanças ambientais (MacCauley, 1991; Moritz, 2002). Apesar da relevância deste tipo de trabalho para a conservação destes táxons marinhos, pouquíssimos estudos de estruturação populacional foram realizados, sejam através da utilização de sequenciamento de primeira geração (sequenciamento Sanger) ou de técnicas mais modernas, como as de sequenciamento de próxima geração (*Next Generation Sequencing*, NGS).

Dentre os de primeira geração, seja através do uso de DNA mitocondrial ou nuclear (microssatélites, minissatélites, etc.), podemos citar os seguintes estudos, com

Charadriiformes: na família Alcidae, *Uria aalge* e *Uria lomvia* (Birt-Frisen *et al*., 1992; Friesen *et al*., 1996b; Kidd & Friesem, 1998; Moum & Árnason, 2001, Morris-Pocock *et al*., 2008). Na família Scolopacidae, *Calidris alpina* (Wenink & Baker, 1996; Wenink *et al*., 1996). Na família Laridae: subfamília Larinae, *Larus cachinnans*, *Larus audouinii* e *Larus dominicanus* (Knijff *et al*., 2001; Liebers *et al*., 2001; Liebers & Helbig, 2002; Genovart *et al*., 2003; Liebers *et al*., 2004; Given *et al*., 2005; Dantas *et al*., 2012); a subfamília Rynchopinae, com *Rynchops niger* (Mariano-Jelicich & Madrid, 2014) e na subfamília Sterninae: *Sterna fuscata*, *Sterna dougallii* e *Sterna hirundinacea* (Peck & Congdon, 2004; Szxzys *et al*., 2005; Faria *et al*., 2010).

Fora da ordem Charadriiformes, mas ainda dentro das marinhas, podemos citar os Procellariiformes: no grupo dos albatrozes (Diomedeidae), *Thalassarche cauta*, *Diomedea exulans* e *Phoebastria immutabilis* (Abbott & Double, 2003; Burg & Croxall, 2004; Milot *et al*., 2008; Young, 2010).

A família Procellariidae, *Puffinus tenurirostris* (Austin *et al*., 1994) e o petrel (Hydrobatidae), *Hydrobates Castro* (Friesen *et al*., 2007; Smith & Friesen, 2007).

E dentro de Suliformes, os atobás (Sulidae), *Sula nebouxii*, *Sula variegata*, *Sula dactylatra* e *Sula leucogaster* (Baumgarten *et al*., 2001; Taylor *et al*., 2011a; 2011b).

Já o número de trabalhos realizados com NGS, na perspectiva da estrutura populacional, em aves marinhas, é ainda menor. Dentre os poucos táxons estudados, podemos citar: o albatroz-de-pés-negros (*Phoebastria nigripes*) (Dierickx *et al*., 2015) e os pinguins (Sphenisciformes): *Aptenodytes forsteri*, *Aptenodytes patagonicus*, *Pygoscelis papua e Pygoscelis antarctica* (Fretwell *et al*., 2012; Lynch & LaRue, 2014; Freer *et al*., 2015; Younger *et al*., 2015; Clucas *et al*., 2016; Cristofari *et al*., 2016; Levy *et al*., 2016).

Como visto, são relativamente poucos os trabalhos de genética de populações envolvendo aves marinhas no mundo. No Brasil, somente os atobás (*Sula leucogaster* e *Sula dactylatra*) (Baumgarten *et al*., 2001), o trinta-réis-de-bico-vermelho (*Sterna hirundinacea*) (Faria *et al*., 2010), o gaivotão *Larus dominicanus* (Dantas *et al*., 2012), e, de forma mais superficial, o talha-mar sul-americano (Mariano-Jelicich & Madrid, 2014) foram estudados do ponto de vista genético, nenhum destes com NGS.

5. Marcadores moleculares em estudos de estrutura populacional

Estudos de estrutura populacional, em aves migratórias, baseados em dados moleculares tendem a produzir resultados mais elucidativos sobre a história evolutiva do grupo do que apenas estudos baseados em observações diretas (Austin *et al*., 1994; Friesen *et al*., 1996a; Roeder *et al*., 2001; Patirana *et al*., 2002; Dearborn *et al*., 2003; Szczys *et al*., 2005; Toop *et al*., 2013).

As estimativas de quanto as populações são diferenciadas (entre cada par de populações) nos indica de que maneira estas estão estruturadas. A forma mais clássica de estimar a diferenciação entre as populações é através da estatística F (ou distância de Nei), onde avaliam as frequências alélicas ou haplotípicas dentro e entre cada população (Dantas *et al*., 2013).

A distribuição da variação genética é afetada por fatores contemporâneos e históricos, como barreiras geográficas e condições ecológicas, além disso, processos microevolutivos operam sobre as linhagens genéticas, formando os padrões observados hoje, entre eles a deriva genética, a endogamia e o fluxo gênico (Dantas *et al*., 2013).

O uso de marcadores moleculares possibilita o abandono de premissas feitas *a priori*, com relação ao seu objeto de estudo, utilizando os indivíduos como unidades taxonômicas operacionais (OTUs), ao invés de um conjunto de indivíduos com populações predefinidas; esta abordagem minimiza inferências errôneas (Avise, 2000; Dantas *et al*., 2013).

Os marcadores genéticos também são úteis na identificação das MUs (Unidades de Manejo) ou ESUs (Unidades Evolutivamente Significantes), estas são populações dentro de espécies que estão se diferenciando a ponto de serem consideradas um possível caminho (passo) para a especiação. Se estas populações mostram diferenças significativas, genéticas e adaptativas (ex.: ocupam diferentes nichos), elas podem ser consideradas como linhagens evolutivas separadas para a proposta de conservação, necessitando de manejo diferenciado (Cracraft, 1997; Crandall *et al*., 2000; Moritz, 2002; Dantas *et al*., 2013).

Os marcadores moleculares são uma importante ferramenta para estudos evolutivos das espécies. Segundo Futuyma (2009), a melhor forma de obter inferências confiáveis é através do uso de diferentes marcadores (abordagens multilocus), que com diferentes taxas mutacionais e formas de herança, permitem que a história evolutiva do grupo seja contada com maior acurácia.

Dentre os diversos marcadores moleculares utilizados, o DNA mitocondrial apresenta inúmeras vantagens e é considerado um dos mais adequados para estudos de estrutura populacional (Avise, 2004). Para estudos na subfamília Sterninae, esse marcador é ainda mais indicado, devido às dificuldades no isolamento dos microssatélites (Faria *et al*., 2007). Além disso, o novo método de análise de marcadores associados a sítios de restrição (RADseq) (Baird *et al*., 2008) é, certamente e particularmente vantajoso, pois gera dados para milhões de loci distribuídos por todo o genoma, sendo possível obter tanto informações nucleares como mitocondriais. Essas informações são importantes para entender os processos que afetam a distribuição de linhagens genéticas em um contexto geográfico, possibilitando entender a evolução de diferentes linhagens, correlacionando eventos históricos determinantes na diversificação dos táxons (Davey & Blaxter, 2011; McCormack *et al*., 2013; Harvey *et al*., 2014; Takahashi *et al*., 2014).

Faria e colaboradores (2007; 2010) analisando genes mitocondriais e microssatélites em *Anous stolidus*, *Sterna fuscata* e *S. hirundinacea* obtiveram resultados elucidativos sobre a variabilidade e estrutura genética desse grupo. Foi determinado nesses estudos que a população de *A. stolidus* de Fernando de Noronha está geneticamente estruturada. Esse achado sugere que essa diferenciação foi devida a eventos históricos e em termos de conservação, a avifauna desse arquipélago merece ser prioritariamente preservada. Este exemplo reforça ainda mais a importância da utilização de dados moleculares, os quais refletem não somente o presente, mas também a história evolutiva das espécies, no entendimento da diversificação de espécies e populações, bem como na conservação das mesmas.

6. DNA mitocondrial (mtDNA)

O DNA mitocondrial (mtDNA) é uma molécula circular, haploide, compacta, com ausência de íntrons (*intragenic regions*), pseudogenes ou elementos transponíveis. Apresenta cadeias denominadas de leve (L) e pesadas (H). Em alguns casos, os genes se sobrepõe e ocorre a redução do comprimento dos códons de parada em uma ou duas bases (Avise, 2004). Apresenta conteúdo gênico extremamente conservado, com presença de 37 genes, sendo: dois ribossomais (16s e 12s); 13 genes que codificam proteínas envolvidas no transporte de elétrons (citocromo b, citocromo oxidase subunidade I (COI), COII e COIII; NADH Desidrogenase subunidade 1 (ND1), ND2, ND3, ND4, ND5 e ND6; na síntese de ATP da

cadeia respiratória (ATPase subunidades 6 e 8) e outros 22 genes que codificam RNAs transportadores (Moritiz *et al*., 1987; Avise, 2004). A ordem gênica não é tão conservada quanto o conteúdo e vários arranjos têm sido descritos (Boore, 1999).

Algumas características do DNA mitocondrial como alta taxa de mutação, herança predominantemente materna, ausência de recombinação, relativamente fácil manipulação e purificação em laboratório, capacidade de gerar várias cópias e evolução mais rápida do que o genoma nuclear fazem com que esse marcador seja amplamente utilizado em estudos populacionais, de filogenia e filogeografia (Harrison, 1989; Moritz, 1994a; 1994b; Avise, 2004). Além disso, o fato de o tamanho populacional efetivo ser menor para o mtDNA do que para o DNA nuclear faz com que o DNA mitocondrial seja sensível a processos evolutivos como a deriva genética (Moritz *et al*., 1994b; Quinn, 1997).

O mtDNA começou a ser analisado inicialmente por padrões de restrição ("RFLP") e posteriormente sequenciamento de genes e da região controladora (Avise, 2004), o que permitiu obter uma grande quantidade de informação sobre esse marcador molecular. A descrição de *primers* conservados para amplificação e sequenciamento de diversas regiões do mtDNA, em vários organismos, fez com que o seu uso fosse amplamente difundido (Kocher *et al*., 1989; Sorenson *et al*., 1999).

Os marcadores mitocondriais têm se mostrado de grande utilidade para resolver problemas filogenéticos (Mabuchi *et al*., 2004); como por exemplo, no caso das aves dos gêneros *Pipilo* (Zink *et al*., 1998), *Lhaphura* (Randi *et al*., 2001); *Buteo* (Riesing *et al*., 2003); *Aegotheles* (Dumbacher *et al*., 2003) e *Psittacula* (Groombridge *et al*., 2004).

Desjardins e Moraes (1990) foram os primeiros a publicarem o genoma mitocondrial completo de uma ave (*Gallus gallus*). Neste estudo, os autores descobriram que a maioria dos códons UGA e AUA encontrados em genes de proteínas correspondem, respectivamente, a triptofano e metionina. No caso dos mamíferos, UGA é um códon de parada e AUA é um códon de isoleucina. A guanina é relativamente menos frequente na terceira posição do códon. Os genes rDNA 12S e 16S são similares aos de mamíferos, com regiões altamente conservadas. A região controladora da galinha (*G. gallus*) é ligeiramente maior (1227 pares de bases – pb) do que a encontrada em humanos (1122 pb), ratos (898 pb) e vacas (910 pb) e é menor do que a encontrada na rã-africana *Xenopus laevis* (2134 pb).

Anos mais tarde, Harrison e colaboradores (2004), publicaram os genomas mitocondriais completos do ganso (*Anseranas semipalmata*), da coruja (*Ninox*

novaeseelandiae), da carriça-da-nova-zelândia (*Acanthisitta chloris*) e do Kakapo (*Strigops habroptilus*).

Como visto, em aves, existem ordens gênicas diferentes daquelas inicialmente descritas para mamíferos e outros grupos (Desjardins & Morais, 1990), principalmente envolvendo a região controladora (Mindell *et al*., 1998).

As duas principais diferenças entre o mtDNA de aves e de outros táxons são a ordem dos genes adjacentes à região controladora, e a ausência da origem de replicação na cadeia leve entre $tRNA^{Cys}$ e $tRNA^{Asn}$ (Desjardins & Moraes, 1990; Avise, 2004).

A maioria das mutações no mtDNA compreende principalmente substituições de bases e também pequenas deleções e inserções. Grandes deleções e inserções ou rearranjos podem ser encontrados, mas com menor frequência (Avise, 2004). A taxa de evolução do mtDNA é considerada alta, sendo cerca de 5 a 10 vezes maior quando comparada ao genoma nuclear (Brown *et al*., 1982).

Ainda há controvérsias se as mudanças nas frequências gênicas do mtDNA são seletivamente neutras, governadas principalmente por deriva genética e migração. Há alguns indícios de que o mtDNA esteja sujeito às mesmas forças que ocorrem no DNA nuclear, como por exemplo, seleção (Singh & Hale, 1990; Ballard & Kreitman, 1995). Alguns autores acreditam que o tempo de geração, a taxa metabólica e até mesmo o habitat podem estar relacionados a diferenças nas taxas de mutação entre diferentes grupos (Martin & Palumbi, 1993; Rand *et al*., 1994). Além disso, em alguns grupos de Aves, a divergência de sequências pode ser menor do que em outros vertebrados (Kessler & Avise, 1985).

A região controladora, devido ao seu alto grau de variação, é mais utilizada em estudos populacionais. Esta região é flanqueada, em aves, por genes de RNA transportadores para glutamina e fenilalanina. A variabilidade na sua sequência é decorrente da presença de dois domínios variáveis (I e III) flanqueando um domínio conservado (II). Essas variações são do tipo substituições, pequenas inserções ou deleções, grandes duplicações e variação no número de cópias de repetições. Os domínios são caracterizados por diferenças na composição de bases e pela presença de modificações conservadas particulares e estrutura secundária (Brown, 1982; Baker & Marshall, 1997).

Um dos problemas ao se trabalhar com essa região é o grande número de cópias nucleares parálogas a essa região mitocondrial que vêm sendo encontrados em diversos organismos, os denominados NUMTs (Nuclear mtDNA) (Sorenson & Fleischer, 1996; Zhang & Hewitt, 1996; Sorenson & Quinn, 1998; Bensasson *et al*., 2001; Richly & Leister, 2004), o

que dificulta o seu sequenciamento e análise. Em *Cepphus* (Alcidae, Charadriiformes), foram encontradas cópias nucleares do domínio III em sete subespécies. Ambas as cópias (nuclear e mitocondrial) foram sequenciadas e a variação nucleotídica foi comparada entre elas. Foi verificada também a eficiência de cada uma delas para estudos filogeográficos. No entanto, se a cópia não fosse identificada, conclusões errôneas poderiam ter sido obtidas na filogenia deste grupo (Kidd & Friesen, 1998).

Outra região do genoma mitocondrial muito utilizada, principalmente em estudos filogenéticos, é o gene citocromo que contém cerca de 1100 pb e está localizado entre o gene $tRNA^{Thr}$ e o ND5. A proteína citocromo b, é codificada pela cadeia pesada do mtDNA, é uma proteína monomérica transmembrânica que participa da cadeia de transporte de elétrons (Desjardins & Morais, 1990; Härlid *et al*., 1998). Stanley e Harrison (1999) usaram sequências de citocromo b, com a finalidade de testar a hipótese de aumento funcional de certas proteínas no grupo das aves; para tal, utilizaram 38 espécies de aves, estas, quando comparadas a outros organismos, apresentaram menor taxa de evolução molecular.

Depois da região controladora, o ND6 seria a região com a maior variabilidade no genoma mitocondrial. Contudo, devido à proximidade desse gene à região controladora (que geralmente está envolvida em cópias nucleares) e a sua composição de bases não típica, o ND6 também não é o gene mais indicado para sequenciamento. Em seguida, a região mais variável seria o gene ATPase 8, porém, este é pequeno (165 pb), fornecendo pouca informação (Sorenson, 2003).

O terceiro gene mais variável e o mais indicado para abordagens evolutivas é o ND2 (NADH desidrogenase subunidade 2), como o nome diz, codifica para a subunidade 2 da NADH (Nicotinamida Adenina Dinucleotídeo Reduzida), sendo o NADH um importante carreador de elétrons ativados e participa de muitas reações biossintéticas. Este gene não apresenta a desvantagem da proximidade da região controladora e é relativamente grande (1.041 pb). Além disso, por ser um gene codificante, possui baixa taxa de substituição de aminoácidos e o alinhamento das sequência é relativamente simples de ser realizado (Hackett, 1996; Dimcheff *et al*., 2002; Sorenson, 2003; Alberts *et al*., 2004; Ribas & Miyaki, 2004).

Vários estudos têm utilizado sequências dos genes ND2, ATPase 6 e 8 em estudos populacionais e filogenéticos (Garcia-Moreno *et al*., 2004; Kennedy & Spencer, 2004; Overton & Rhoads, 2004; Given *et al*., 2005; Zink, 2005). Contudo, a premissa de que a variação observada no mtDNA é seletivamente neutra e que os padrões genéticos refletem a história demográfica, não parece ser totalmente verdadeira em alguns casos, como os da

subfamília Larinae, que apresentaram baixas taxas evolutivas em algumas regiões do mtDNA (Ballard & Kreitman, 1995; Crochet & Desmarais, 2000; Zink, 2005; Faria *et al*., 2010).

7. NGS (*Next Generation Sequencing*), SNP (*Single Nucleotide Polymorphism*) e RADseq (*Restriction site associated DNA sequencing*)

Os sequenciamentos de próxima geração (*Next Generation Sequencing*, NGS), também conhecido como sequenciamento de alto rendimento, é o termo geral usado para descrever uma série de diferentes tecnologias modernas de sequenciamento, incluindo: sequenciamento *Illumina* (*Solexa*), sequenciamento Roche 454, sequenciamento Ion Torrent (Proton/PGM) e sequenciamento SOLiD (Davey & Blaxter, 2011).

Apesar de existirem diferenças entre estas tecnologias, todas têm como principal característica o processamento massivo de fragmentos de DNA. Enquanto um sequenciador de primeira geração (Sanger) processa, no máximo, 96 fragmentos por vez, os NGS podem ler até bilhões de fragmentos simultaneamente. Essas tecnologias permitem sequenciar DNA e RNA muito mais rapidamente e por um valor mais baixo do que o sequenciamento Sanger, e como tal, têm revolucionado o estudo da genômica e da biologia molecular (Davey & Blaxter, 2011).

A genômica de populações mostrou grande potencial na exploração da variação genética, oferecendo oportunidade de obter *insights* sobre os mecanismos evolutivos e da divergência adaptativa na natureza (Milano *et al*., 2011).

O SNP (*Single nucleotide polymorphism*) é uma variação da sequência de DNA em uma posição de um único nucleotídeo. Os SNPs são cada vez mais usados como marcadores genéticos, isto porque, além de representarem as variantes genéticas mais abundantes e difundidas no genoma (eucariota), possuem grande potencial em estudos ecológicos e evolutivos (Seeb *et al*., 2011).

A crescente acessibilidade às tecnologias de NGS, associadas ao desenvolvimento de ferramentas de bioinformática têm possibilitado a aplicação da descoberta de SNPs em larga escala (Milano *et al*., 2011).

Além disso, comparado aos microssatélites, o SNP apresenta menores taxas de erro de genotipagem, baixa probabilidade de homoplasia, maior qualidade de dados e maior cobertura genômica (alta genotipagem, inclusive em grandes amostras de populações naturais).

Também é útil para a genotipagem de amostras de baixa qualidade, sendo, desta forma, de extrema utilidade para o estudo em várias áreas da biologia molecular, como por exemplo, genética de populações, estruturação genética, fluxo gênico, processos evolutivos neutros, deriva genética, filogeografia, filogenia, etc. (Brumfield *et al*., 2003; Morin *et al*., 2004; Helyar *et al*., 2011; Seeb *et al*., 2011; Edwards *et al*., 2015; Rowe *et al*., 2017).

O sequenciamento de DNA associado a sítios de restrição (*Restriction site associated DNA sequencing*, RADseq) é um método para a descoberta e genotipagem de SNPs, usando sequenciamento por síntese, e se desenvolveu em uma família de abordagens relacionadas, chamada "genotipagem por sequenciamento" (*Genotyping By Sequencing*, GBS) (Davey *et al*., 2011; 2013).

A introdução do RADseq e GBS representam novas técnicas de desenvolvimento na área, e são extremamente importantes, pois permitem que os locos de SNPs sejam aplicados a questões moleculares (ecológicas, populacionais, geográficas e evolutivas) com profundidade e complexidade sem precedentes. É um método econômico e eficiente, e, usando NGS permite identificar milhares de marcadores genéticos, distribuídos aleatoriamente em todo o genoma alvo a partir de um grupo de indivíduos, utilizando a tecnologia *Illumina* (Davey & Blaxter, 2011; Etter *et al*., 2011).

O RADseq pode ser usado para realizar os estudos genéticos de populações em espécies com pouco ou nenhuma sequência de dados existentes, e tem várias vantagens sobre os métodos anteriores para a descoberta de marcadores (Rowe *et al*., 2017). É semelhante a análises utilizando polimorfismos de comprimento de fragmentos de restrição (*Restriction Fragment Length Polymorphisms*, RFLPs) e polimorfismos de comprimento de fragmento amplificado (*Amplified Fragment Length Polymorphisms*, AFLPs), na medida em que reduz a complexidade do genoma por subamostragem, somente em locais específicos definidos por enzimas de restrição. Mas, o RADseq supera esses métodos em sua capacidade de identificar, verificar e marcar marcadores simultaneamente (em vez de exigir um extenso processo de desenvolvimento). Além disso, permite não só a genotipagem e descoberta SNPs, mas também possibilita análises mais complexas, como estudos genéticos e filogeográficos quantitativos (Davey & Blaxter, 2011).

Atualmente, através destas novas tecnologias de NGS é possível detectar ruídos existentes que não eram detectadas por tecnologia menos sensíveis, e, embora estes ruídos possam ser identificados e mitigados durante a preparação da biblioteca ou corrigidas durante a análise, o caminho da leitura das sequências de dados crus (*raw sequence reads*) não é uma

tarefa simples e exige massivos processos de bioinformática, logo após o sequenciamento (Davey *et al*., 2013).

Talvez, umas das maiores vantagens do RADseq seja a possibilidade de capturar uma grande quantidade de dados informativos, ao longo de todo o genoma, compartilhado por muitos indivíduos (ou *pools*), tornando possível o sequenciamento em escala populacional com uma fração do custo que seria o sequenciamento do genoma completo; sendo possível, a sua utilização em um grande número de questões moleculares, como a filogenia, filogeografia, genética de populações, etc. (Davey *et al*., 2011; 2013; Peterson *et al*., 2012; Rowe *et al*., 2017).

De forma bastante resumida, o RADseq funciona da seguinte forma: o DNA das amostras de interesse é digerido com uma enzima de restrição, no caso do RADseq tradicional; já no caso do ddRADseq (*double digested Restriction site associated DNA sequencing*) é usado duas enzimas de restrição, sendo este último um método muito mais vantajoso do que o primeiro, pois faz uma seleção dos fragmentos de DNA; em seguida, uma biblioteca é construída (apenas com os fragmentos próximos ao tamanho do alvo). Espera-se, desta forma, que as contagens de leituras entre as regiões sejam correlacionadas entre os indivíduos (Figura 3) (Peterson *et al*., 2012).

Os adaptadores que contêm os *barcodes* específicos da amostra e terminam com um sinal correspondente ao sítio de corte (da enzima da restrição) são ligados aos fragmentos de restrição digeridos. Os fragmentos de restrição ligados pelos adaptadores são então partilhados em um tamanho adequado para o sequenciamento *Illumina* (tipicamente 300-700 pbs), estes fragmentos são então amplificados por PCR, e depois sequenciados (NGS) (Davey *et al*., 2013).

As leituras de RADseq podem ser alinhadas a um genoma de referência, ou, caso nenhum genoma de referência esteja disponível, o RADseq pode ser usado através do método *De novo*, e desta forma, gerar grandes conjuntos de marcadores (Davey *et al*., 2013).

Os produtos de RADseq normalmente produzem milhares a dezenas de milhares de marcadores, de várias ordens de grandeza, maior do que é possível com as tecnologias tradicionais, como microssatélites e mtDNA (Davey *et al*., 2013).

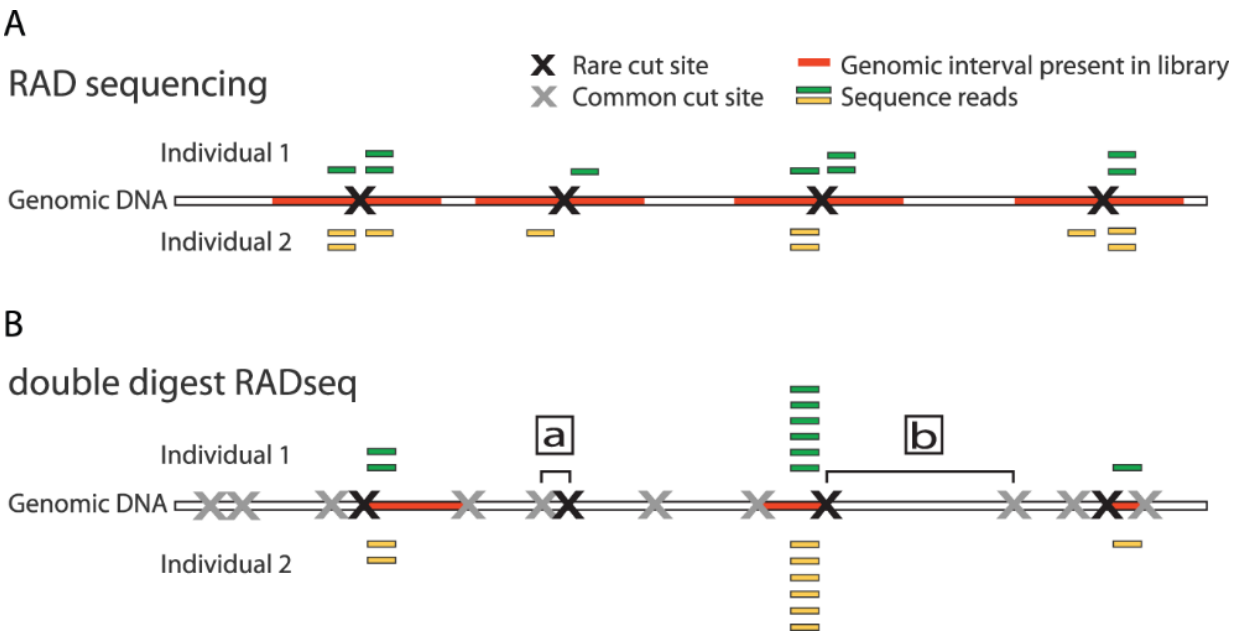


Figura 3. A. Método mais tradicional de **RADseq,** o qual usa apenas uma enzima de restrição, que é acoplada com fragmentos aleatórios, fazendo, desta forma, uma ampla seleção de tamanhos para gerar as bibliotecas, consistindo de todas as regiões genômicas adjacentes ao local de corte da enzima de restrição. **B. ddRADseq,** usa duas enzimas de restrição (= dupla digestão), seguidos por uma seleção precisa dos tamanho dos fragmentos, que exclui as regiões flanqueadas, nos locais de reconhecimento das enzimas, recuperando uma biblioteca que consiste apenas em fragmentos próximos ao tamanho do alvo (segmentos vermelhos). Espera-se que as contagens de leitura entre as regiões sejam correlacionadas entre indivíduos (barras amarelas e verdes). Desta forma, o ddRADseq melhora a eficiência e a robustez das análises, minimizando o custo. Fonte: Peterson *et al*., 2012.

V. CONCLUSÕES

- *Phaetusa simplex* passa a ser considerado um táxon monotípico, pois não é possível separar as subespécies entre si, nem morfologicamente e nem geneticamente.
- *Rynchops melanura intermedia* que até o momento era considerado um sinônimo de *R. niger cinerascens* passa a ser sinônimos de *Rynchops niger niger*. E, *Rynchops fulva* passa a ser sinônimo de *Rynchops niger cinerascens*, sendo este último o nome válido.
- Apesar das variações genéticas entre as três subespécies de *Rynchops niger* (*R. n. niger*, *R. n. cinerascens* e *R. n. intercedens*) não serem significativas, estas continuam a ser consideradas como subespécies válidas, pois puderam ser plenamente diagnosticáveis quanto aos caracteres de plumagem e de distribuição.
- A atividade reprodutiva e a migração de *P. simplex* e dos táxons sul-americanos de *R. niger* estão intimamente relacionadas com a precipitação na América do Sul e com a disponibilidade de recursos ao longo do percurso.
- Foi possível identificar quatro grandes agrupamentos principais de zonas reprodutivas no Brasil; *R. n. cinerascens* está presente na zona 1; *R. n. intercedens* está presente nas zonas 2, 3 e 4 e *P. simplex* está presente em todas as quatro zonas reprodutivas, sendo elas:
    - Zona reprodutiva 1 (bacia hidrográfica Amazônica), a estação reprodutiva ocorre de julho até dezembro. Mas, nas áreas mais ao norte a estação reprodutiva pode se iniciar em meados de outubro e se estender até o final de fevereiro.
    - Zona reprodutiva 2 (bacia hidrográfica Tocantins-Araguaia), a estação reprodutiva ocorre de Junho a outubro.
    - Zona reprodutiva 3 (bacia hidrográfica Paraguai), a estação reprodutiva ocorre de julho a dezembro.
    - Zona reprodutiva 4 (bacia hidrográfica Uruguai e parte do Atlântico Sul), a estação reprodutiva ocorre de outubro até o início de fevereiro. Nesta região as chuvas são bem distribuídas ao longo do ano, de forma que, a estação reprodutiva esta relacionada com a temperatura (mais quente nesta época do ano) e não com a precipitação.
- *P. simplex* também se reproduz no rio São Francisco (Xique-Xique, Bahia), de agosto até setembro.

- Fora do Brasil, mas ainda na América do Sul, existem países que abrigam colônias reprodutivas importantes de *R. n. cinerascens*, como as regiões do rio Orinoco e seus afluentes (Colômbia e Venezuela), do rio Amazonas (Peru e Colômbia) e rio Manu (Peru). E, de *R. n. intercedens*, no rio Uruguai, Entre Rios (Argentina) e rio Paraguai (Paraguai). Já *P. simplex*, além de se reproduzir nestas regiões, também se reproduz em Trinidad e Tobago e Guiana, onde a estação reprodutiva pode se estender de novembro a maio.
- Os resultados genéticos mitocondriais e de *restriction site associated DNA sequencing* corroboraram entre si.
- De acordo com os dados genéticos, as populações não estão estruturadas nem geneticamente e nem geograficamente.
- As populações podem estar passando por um processo de expansão recente ou seleção positiva; ou podem estar se comportando como uma metapopulação.
- De maneira geral, a baixa diversidade genética, ausência de efeitos gargalos severos e falta de estrutura genética é uma constante para as aves marinhas com alto poder de locomoção.
- Existe intenso fluxo gênico entre as populações, e no caso de *R. niger* o fluxo ocorre até mesmo entre as subespécie norte-americana e sul-americanas.
- No caso de *Rynchops niger*, de acordo com os dados mitocondriais, o Pantanal parece funcionar como um "polo – um ponto de encontro" de intenso fluxo gênico entre todas as outras zonas reprodutivas; sendo também, a região com mais sítio variáveis e maior número de haplótipos únicos.
- As hipóteses de isolamento por distância e fenologia reprodutiva foram rejeitadas, uma vez que todas as localidades apresentaram fluxo gênico alto o suficiente para prevenir o isolamento genético.
- De maneira geral, a região neártica apresenta mudanças sazonais marcantes. Desta maneira, os padrões migratórios das aves neárticas podem ser traçados mais facilmente, pois os bandos "necessitam" se movimentar simultaneamente a fim de obter os recursos necessários à sua sobrevivência, que passam a ser escassos ou inexistentes nos períodos de inverno. Em contrapartida, nas regiões neotropicais, apesar de haver certa sazonalidade, as mudanças climáticas não são tão dramáticas e os recursos estão quase sempre disponíveis, mesmo que em menor quantidade. Além disso, o sistema de monção

sul-americano, que costuma ser caracterizado por uma estação chuvosa bem definida (no verão) e uma estação com pouca precipitação (no inverno), pode variar (em frequência e intensidade) de ano para ano, desta forma, variações anuais de precipitação e disponibilidade de recursos relativamente abundantes também interferem nas tentativas de inferir padrões de migração em aves neotropicais.

- Devido ao alto fluxo gênico entre as populações, e consequentemente a falta de variação e estrutura genética, os dados genéticos não ajudaram a delinear um padrão de migração/distribuição destes táxons.
- Determinar um padrão de migração para estas espécies demonstrou-se ser uma tarefa difícil e pouco provável, pois, estas se dispersam após o período reprodutivo, não permanecendo em grandes bandos nos trajetos tomados até as principais regiões de invernada; aparentemente, as rotas são tomadas de maneira "individual" e cada indivíduo ou pequeno bando podem decidir por tomar rotas alternativas, a fim de se chegar a um mesmo destino, escolhendo como trajeto áreas (parada/descanso) que lhes forneçam os recursos necessários para sua viagem, que podem ser encontrados em diversos pontos espalhados pela América do Sul.
- Acredito que as populações possam se encontrar nas regiões de invernada, como por exemplo, no Mar chiquita (Argentina), região que recebe milhares de indivíduos vindos de diversas colônias reprodutivas da América do Sul; neste cenário, os indivíduos poderiam parear (encontrar um parceiro), e, a partir deste ponto migrariam juntos para as regiões de nidificação. Isto explicaria, em partes, o intenso fluxo gênico entre estes indivíduos.
- Apesar do "padrão de migração" destes táxons sul-americanos ainda não ter sido determinado, conhecer os principais pontos de reprodução, parada e descanso, utilizado por estas aves, em suas variadas rotas, por si só representam um grande avanço e pode contribuir de maneira significativa para planos de manejo e conservação destas aves.
- Do ponto de vista conservacionista, que se concentra em escalas de tempo mais curtas, até mesmo uma pequena diferenciação genética pode ser importante (e significativa), principalmente para fins de gestão, manejo e conservação das populações, além disso, no nível individual, estes táxons poderiam estar apresentando variações únicas, que podem vir a ser importantes para a adaptação.
- Os grandes rios sul-americanos, juntamente como o ciclo sazonal de precipitação da América do Sul (que altera a dinâmica destes rios), influenciam diretamente na

distribuição, e, consequentemente, na evolução das aves aqui analisadas. Neste caso, os rios funcionam como vias de contato (e não como barreiras) entre os indivíduos, contribuindo para o intenso fluxo gênico dos táxons aqui apresentados.

VI. RESUMO

O talha-mar *Rynchops niger* (Rynchopinae) e o trinta-réis-grande *Phaetusa simplex* (Sterninae), são aves aquáticas migratórias que se reproduzem simultaneamente em muitas praias fluviais da América do Sul. A taxonomia e a sistemática destas subfamílias foram objetos de poucos estudos. Além disso, possuem subespécies cuja delimitação e a caracterização ainda são confusas, além do que, uma revisão rigorosa da validade destes táxons nunca foi feita. E, como consequência dos poucos estudos, existe uma enorme imprecisão sobre a real área de distribuição de cada táxon, não havendo muita informação sobre os locais para onde se movimentam após o período reprodutivo. Assim sendo, este trabalho teve como objetivo caracterizar geneticamente e revisar a taxonomia destas duas espécies polítipas, definindo os seus táxons válidos e distribuição. Para tal, foram utilizados caracteres morfológicos (de plumagem e morfométricos), sequências do gene mitocondrial ND2 e de marcadores associados a sítios de restrição (ddRADseq), a fim de estimar a variação intra e interpopulacional, o fluxo gênico e a estrutura genética; visando também entender o padrão de migração destes táxons na América do Sul e a influência dos rios na taxonomia e na história evolutiva destas aves. De acordo com os resultados conclui-se: *P. simplex* passa a ser considerado um táxon monotípico, pois não é possível separar as subespécies entre si, nem morfologicamente e nem geneticamente. Apesar das variações genéticas entre as três subespécies de *R. niger* não serem significativas, estas continuam a ser consideradas como subespécies válidas, pois puderam ser plenamente diagnosticáveis quanto aos caracteres de plumagem e de distribuição. Não existem variações genéticas significativas entre as populações. As populações podem estar passando por um processo de expansão recente ou seleção positiva; ou podem estar se comportando como uma metapopulação. Os grandes rios sul-americanos, juntamente com o ciclo sazonal de precipitação da América do Sul (que altera a dinâmica destes rios), influenciam diretamente na distribuição, e, consequentemente, na evolução das aves aqui analisadas. Neste caso, os rios funcionam como vias de contato (e não como barreiras) entre os indivíduos, contribuindo para o intenso fluxo gênico dos táxons aqui apresentados.

VII. *ABSTRACT*

The Black Skimmer (*Rynchops niger*) and the Large-billed Tern (*Phaetusa simplex*) are migratory waterbirds that breed simultaneously on river beaches throughout South America. Few studies have been conducted on the taxonomy and systematics of these polytypic species and the delimitation and validity of each taxa described has never been studied in detail. As a result, the geographical distribution of both species is poorly understood and there is little information about the whereabouts of their non-breeding grounds. Therefore, the purpose of this study was to characterize genetically and revise the taxonomy and distribution of these two polytypic species. For this it was integrated morphological characters (plumage and morphometrics), mitochondrial sequences (ND2), and single nucleotide polymorphisms (SNPs) inferred from double digestion restriction associated DNA sequencing (ddRADseq) to estimate: 1) intra- and inter-populational variation, 2) gene flow, 3) population genetic structure, 4) migration patterns of these taxa within South America, and 5) assess the influence of rivers on the taxonomy and evolutionary history of these birds. The results lead to the following conclusions: *P. simplex* should now be considered a monotypic taxon because currently recognized subspecies are neither morphologically nor genetically diagnosable. Although genetic variation between the three subspecies currently recognized in *R. niger* is not significant, these taxa continue to be considered as valid subspecies because they are fully diagnosable in plumage characters and distributional patterns. There are no significant genetic variation between the populations of both species (*R. niger* and *P. simplex*). Populations may be undergoing a process of recent expansion or positive selection or they may be behaving like a metapopulation. Main South American rivers, together with the seasonal precipitation cycles of South America (which changes the dynamics of these rivers), have direct influence on the distribution, and, consequently, on the evolution of these birds. In this case, the rivers function as pathways of contact (and not as barriers) between individuals, contributing to the intense gene flow between these taxa.

VIII. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABBOTT, C. L.; DOUBLE, M. C. Phylogeography of shy and white-capped albatrosses inferred from mitochondrial DNA sequences: implications for population history and taxonomy. **Molecular Ecology,** v. 12, p. 2747-2758, 2003a.

ABBOTT, C. L.; DOUBLE, M. C. Genetic structure, conservation genetics and evidence of speciation by range expansion in shy and white-capped albatrosses. **Molecular Ecology,** v. 12, p. 2953-2962, 2003b.

ABLE, K. P. **Gathering of Angels-Migrating Birds and Their Ecology**. New York: Comstock Books, 1999. 193 p.

AHLQUIST, J. E.; SIBLEY, C. G. **Phylogeny and Classification of Birds: A Study in Molecular Evolution.** New Haven: Yale University Press, 1990. 976 p.

ALBERTS, A.; JOHNSON, A.; LEWIS, J.; RAFF, M.; ROBERTS, K.; WALTER, P. **Biologia Molecular da Célula.** 4 ed., Porto Alegre: Artmed editora, 2004. 1463 p.

ALFARO, M.; CLARA, M. Assemblage of shorebirds and seabirds on Rocha lagoon sandbar, Uruguay. **Ornitologia Neotropical,** v. 18, n. 3, p. 421-432, 2007.

ALLEN, J. A. List of the Birds collected in Bolivia by Dr. H. H. Rusby, with Field Notes by the Collector. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 2, p. 108-113, 1889.

ALLEN, J. A. Collation of Brisson's genera of birds with those of Linnaeus. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 28, p. 317-335, 1910.

ANGELONI, F.; WAGEMAKER, N.; VERGEER, P.; OUBORG, J. Genomic toolboxes for conservation biologists. **Evolutionary Applications,** v. 5, n. 2, p. 130-143, 2012.

ANTAS, P. D. T. Z. Migration and other movements among the lower Paraná River valley wetlands, Argentina, and the south Brazil/Pantanal wetlands. **Bird Conservation International**, v. 4, p. 181-190, 1994.

ANTAS, P. D. T. Z.; CARRARA, L. A.; UBAID, F. K.; OLIVEIRA-JUNIOR, S. B.; FERREIRA, L. P. 2016. **As Aves Coloniais da Reserva Particular do Patrimônio Natural SESC Pantanal.** Rio de Janeiro: SESC Departamento Nacional, 2016. 236 p.

ARTHUR, S. C. The feeding habits of the Black Skimmer. **Auk,** v. 38, p. 566-574, 1921.

ASHMOLE, N. P.; ASHMOLE, M. J.; SIMMONS, K. E. L. Seabird conservation and feral cats on Ascension Island, South Atlantic. In: **Nettleship, DN.; Burger, J. & Gochfeld, M. (Eds.), Seabirds on islands: Threats, case studies and action plans,** Birdlife International Series, 1994. v. 1, p. 94-121.

AUSTIN, J. J.; WHITE, R. W. G.; OVENDEN, J. R. Population genetic structure of a philopatric colonially nesting seabird, the short-tailed sheawater (*Puffinus tenuirostris*). **Auk,** v. 111, p. 70-79, 1994.

AVISE, J. C. Conservation genetics in the marine realm. **Journal of Heredity,** v. 89, p. 377-382, 1998.

AVISE, J. C. **Philogeography: The History and Formation Species.** Cambridge, MA: Harvard University Press, 2000. 464 p.

AVISE, J. C.; NELSON, W. S.; BOWEN, B. W.; WALKER, D. Phylogeography of colonially nesting seabirds, with special reference to global matrilineal patterns in the Sooty tern (*Sterna fuscata*). **Molecular Ecology,** v. 9, p. 1783-1892, 2000.

AVISE, J. C. **Molecular markers, natural history, and evolution.** 2. ed: Sunderland, MA: Sinauer Associates, 2004. 541 p.

BAIN, M. First sighting of a black skimmer in Ontario. **Ontario Field Biologist,** v. 32, n. 2, p. 33, 1978.

BAIRD, N. A.; ETTER, P. D.; ATWOOD, T. S.; CURREY, M. C.; SHIVER, A. L.; LEWIS, Z. A.; SELKER, E. U.; CRESKO, W. A.; JOHNSON, E. A. Rapid SNP discovery and genetic mapping using sequenced RAD markers. **PLoS ONE,** v. 3, n. 10, (e3376), p. 1-7, 2008.

BAKER, A. J.; MARSHALL, H. D. Mitochondrial control-region sequences as tools for understanding evolution. In: **Mindell, D. P. (Ed.), Avian Molecular Systematics and Evolution,** San Diego, Calif, Academic Press, 1997, p. 51-82.

BAKER, A. J.; PEREIRA, S. L.; PATON, T. A. Phylogenetic relationships and divergence times of Charadriiformes genera: Multigene evidence for the Cretaceous origin of at least 14 clades of shorebirds. **Biology Letters,** v. 3, p. 205-209, 2007.

BAKER, T. B. L. **An Ornithological Index**, Arranged According to the Synopsis Avium of Mr. Vigors. R. Taylor. London: Printed by R. Taylor, 1835. p. 173-175.

BALLARD, J. W.; KREITMAN, M. Is mitochondrial DNA a strictly neutral marker?. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 10, n. 12, p. 485-488, 1995.

BARBIERI, E. Variação sazonal e abundância de *Rynchops niger* no estuário de Cananéia-Iguape-Ilha Comprida, São Paulo. **Biota Neotropica,** v. 7, n. 2, p. 21-26, 2007.

BARRÈRE, P. Ornithologiae specimen novum, sive Series avium in Ruscinone, Pyrenaeis montibus atque in Gallia aequinoctiali observatarum. **Perpigman,** 1745. 84 p.

BAUMGARTEN, M. M.; KOHLRAUSCH, A. B.; MIYAKI, C. Y.; FREITAS, T. R. O.; ARAÚJO, A. M. DNA fingerprinting and parentage in Masked (*Sula dactylatra*) and Brown (*S. leucogaster*) Boobies. **Ornitología Neotropical,** v. 12, p. 319-326, 2001.

BEEBE, C. W. An ornithological reconnaissance of northeastern Venezuela. **Condor,** v. 11, p. 74. 1909.

BELOW, T. H. First reports of pellet ejection in 11 species. **The Wilson Bulletin,** v. 91, n. 4, p. 626-628, 1979.

BELTON, W. **Aves do Rio Grande do Sul. Distribuição e Biologia.** São Leopoldo, RS: Editora Unisinos. 1994. 584 p.

BENESH, C. D.; ROSENBERG, G. H. Southwest region, Arizona. **Fieldnotes,** v. 50, p. 312-314, 1996.

BENSASSON, D.; ZHANG, D.; HARTL, D. L.; HEWITT, G. M. Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 16, n. 6, p. 314-321, 2001.

BERLEPSCH, C. On the birds of Cayenne. **Novitates Zoologicae,** v. 15, p. 103-164, 1908.

BERLEPSCH, W; HARTERT, E. On the Birds of The Orinoco Region. **Novitates Zoologicae,** v. 9, p. 131-134, 1902.

BERTHOLD, P. **Bird Migration. A General Survey.** New York: Oxford Ornithology Series Press, 2001. 253 p.

BIRDLIFE. Bird Life International, List of Threatened Species. Disponível em: <https://www.birdlife.org/>. Acesso em: 01/04/2018.

BIRT-FRIESEN, V. L.; MONTEVECCHI, W. A.; GASTON, A. J.; DAVIDSON, W. S. Genetic structure of thick-billed murre (*Uria lomvia*) populations examined using direct sequence analysis of amplified DNA. **Evolution,** v. 46, p. 267-272, 1992.

BISBAL. G. A. The Southeast South American shelf large marine ecosystem: Evolution and components. **Marine Policy,** v. 19, n. 1, p. 21-38, 1995.

BLACKBURN, T. M.; CASSEY, P.; DUNCAN, R. P.; EVANS, K. L.; GASTON, K. J. Avian extinction and mammalian introductions on oceanic islands. **Science,** v. 305, p. 1955-1958, 2004.

BLAKE, E. R. **Manual of Neotropical Birds**. Vol. 1: Spheniscidae (Penguins) to Laridae (Gulls and their allies). Chicago and London: Univ. Chicago Press, 1977. 724 p.

BLANCO, P.; GONZALEZ, H. Nuevos registros de *Rynchops niger* Linneo, 1758 (Aves: Laridae) para Cuba. [New records for Cuba of *Rynchops niger* Linneus, 1758 (Aves: Laridae)]. **Poeyana,** v. 448, p. 1-8, 1995.

BLUS, L. J.; STAFFORD, C. J. Breeding biology and relation of pollutants to black skimmers and gull-billed terns in South Carolina. **US Fish and Wildlife Service Special Scientific Report-Wildlife,** v. 230, p. 1-18, 1980.

BOCK, W. J.; FARRAND, J. The Number of Species and Genera of Recent Birds: A Contribution to Comparative Systematics. **American Museum Novitates,** n. 2703, p. 1-26, 1980.

BONAPARTE, C. L. The genera of North American birds and a synopsis of the species found within the territory of the United States. **Annals of the Lyceum of Natural History of New York,** v. 2, p. 37-45, 1828.

BOORE, J. L. Animal mitochondrial genomes. **Nucleic Acids Research,** v. 27, n. 8, p. 1767-1780, 1999.

BRABOURNE, L.; CHUBB, C. **A list of the Birds of South America.** Zoological Department, British Museum: Printed by Taylor and Francis, 1912. 504 p.

BRANCO, J. O.; FRACASSO, H. A. A. Ocorrência e abundância de *Rynchops niger* Linnaeus, no litoral de Santa Catarina, Brasil. **Revista Brasileira de Zoologia,** v. 22, n. 2, p. 430-432, 2005.

BRANDOLIN, P. G.; ÁVALOS, M. Á.; MARTORI, R. Waterbirds from wetlands of the southeast of the Córdoba province, Argentina. **Check List,** v. 7, n. 4, p. 537-541, 2011.

BRIDGE, E. S.; JONES, A. W.; BAKER, A. J. A phylogenetic framework for the terns (Sternini) inferred from mtDNA sequences: implications for taxonomy and plumage evolution. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 35, p. 459-469, 2005.

BRISSON, M.; MARTINET, J. D.; FRANÇOIS, N.; TUCKER, M. B. **Ornithologie, Ou, Méthode Contenant La Division Des Oiseaux En Ordres, Sections, Genres, Especes & Leurs Variétés : A Laquelle on a Joint Une Description Exacte de Chaque Espece**, Avec Les Citations Des Auteurs Qui En Ont Traité, Les Noms Quils Leur Ont Do. Paris, 1760. p. 225-228.

BROOKS, G. L.; SANDERS, F. J.; GERARD, P. D.; JODICE, P. G. R. Daily survival rate for nests of black skimmers from a core breeding area of the southeastern USA. **Journal of Ornithology,** v. 126, n. 3, p. 443-450, 2014.

BROWN, K. M.; TIMS, J. L.; ERWIN, R. M.; RICHMOND, M. E. Changes in the nesting populations of colonial waterbirds in Jamaica Bay Wildlife Refuge, New York, 1974-1998. **Northeastern Naturalist,** v. 8, n. 3, p. 275-292, 2011.

BROWN, W. M.; PRAGER, E. M.; WANG, A.; WILSON, A. C. Mitochondrial DNA sequences of primates: time and mode evolution. **Molecular Evolution,** v. 18, p. 225-239, 1982.

BRUMFIELD, R.; BEERLI, P.; NICKERSON, A. D.; EDWARDS, V. S. The utility of single nucleotide polymorphisms in inferences of population history. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 18, n. 5, p. 249-256, 2003.

BUCKLEY, P. A.; GOCHFELD, M.; BUCKLEY, F. G. Efficacy and timing of helicopter censuses of black skimmers and common tern on Long Island, N.Y.: a preliminary analysis. **Proceedings of the Conference of the Colonial Waterbird Group,** v. 1, p. 48-61, 1977.

BURG, T. M.; CROXALL, J. P. Global population structure and taxonomy of the wandering albatross species complex. **Molecular Ecology,** v. 13, p. 2345-235, 2004.

BURGER, J. Food Chain Differences Affect Heavy Metals in Bird Eggs in Barnegat Bay, New Jersey. **Environmental Research,** v. 90, n. 1, p. 33-39, 2002.

BURGER, J.; GOCHFELD, M. Experimental evidence for aggressive antipredator behavior in black skimmers *Rynchops niger*. **Aggressive Behavior,** v. 18, n. 3, p. 241-248, 1992a.

BURGER, J.; GOCHFELD, M. Family Laridae (Gulls). In: **Del Hoyo, J.; Elliott, A. & Sargatal, J. (Eds.), Handbook of the Birds of the World,** Lynx Edicion, Barcelona, 1996. v. 3, p. 572-623.

BURGER, J.; GOCHFELD, M. Heavy metal and selenium concentrations in black skimmers (*Rynchops niger*): gender diferences. **Archives of Environmental Contamination and Toxicology,** v. 434, p. 431-434, 1992b.

BURGER, J.; GOCHFELD, M. Predation and effects of human on island-nesting seabirds. In: **Nettleship, DN.; Burger, J. & Gochfeld, M. (Eds.), Seabirds on islands: Threats, case studies and action plans,** Birdlife International Series, 1994. v. 1, p. 39-67.

BURGER, J.; GOCHFELD, M. **The Black Skimmer: Social Dynamics of a Colonial Species.** New York: Columbia University Press, 1990.

BURGER, J.; GOCHFELD, M.; BONAN, A. Gulls, Terns, Skimmers (*Laridae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52249>. Acesso em: 14/07/2018.

BURGER, J.; GOCHFELD, M.; JENKINS, C. D.; LESSER, F. Effect of approaching boats on nesting black skimmers: using response distances to establish protective buffer zones. **Journal of Wildlife Management,** v. 74, n. 1, p. 102-108, 2010.

BURGER, J.; PARSONS, K.; WARTENBERG, D.; SAFINA, C.; O'CONNOR, J.; GOCHFELD, M. Biomonitoring using Least Terns and Black Skimmers in the northeastern United States. **Journal of Coastal Research,** v. 10, p. 39-47, 1994.

BURTT, J. E. H.; ICHIDA, J. M. Gloger's rule, feather-degrading bacteria, and colour variation among song sparrows. **Condor,** v. 106, p. 681-686, 2004.

CAMERON, S. Roof- nesting by Common Tern and Black Skimmers in North Carolina. **The Chat,** v. 72, n. 2, p. 44-45, 2008.

CAMPOS, F. P.; PALUDO, D.; FARIA, P. J.; MARTUSCELLI, P. Aves insulares marinhas, residentes e migratórias, do litoral do Estado de São Paulo. In: **Branco J. (Ed.), Aves marinhas insulares brasileiras: bioecologia e conservação,** Itajaí, SC, Editora da UNIVALI, 2004, p. 57-82.

CANE, W. P. Ontogenetic Evidence for Relationships within The Laridae. **Auk,** v. 111, p. 873-880, 1994.

CAPPELE, J.; IVERSON, S. A.; TAKEKAWA, J. Y.; NEWMAN, S. H.; DODMAN, T.; GAIDET, N. Implementing telemetry on new species in remote areas: recommendations from a large-scale satellite tracking study of African waterfowl. **Ostrich,** v. 82, n. 1, p. 1-26, 2011.

CATCHEN, J. M.; HOHENLOHE, P. A.; BASSHAM, S.; AMORES, A.; CRESKO, W. A. Stacks: an analysis tool set for population genomics. **Molecular Ecology,** v. 22, p. 3124-3140, 2013.

CBRO. Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. Listas de Aves do Brasil. 2015. Disponível em: <http://www.cbro.org.br>. Acesso em: 25/03/2018.

CHAPMAN, F. M. On the birds of the Island of Trinidad. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 6, p. 70-94, 1894.

CHAPMAN, F. M. The Distribution of Bird-life in Colombia; A contribution to a biological survey of South America. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 36, p. 219-225, 1917.

CHAPMAN, F. M. The Distribution of Bird-life in Ecuador; A contribution to study of the origin of Andean Bird-life. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 55, p. 180-190,1926.

CHESSER, T. Migration in South America: an overview of the austral system. **Bird Conservation International,** v. 4, p. 91-107, 1994.

CHESSER, R. T. Migration in South America: An overview of the austral system. **Bird Conservation International,** v. 4, p. 91-107, 2010.

CIBOIS, A.; THIBAULT, J. C.; ROCAMORA, G.; PASQUET, E. Molecular phylogeny and systematics of Blue and Grey Noddies (*Procelsterna*). **Ibis,** v. 158, p. 433-438, 2016.

CLUCAS, G. V.; YOUNGER, J. L.; KAO, D.; ROGERS, A. D.; HANDLEY, J.; MILLER, G. D.; JOUVENTIN, P.; NOLAN, P.; GHARBI, K.; MILLER, K. J.; HART, T. Dispersal in the sub-Antarctic: king penguins show remarkably little population genetic differentiation across their range. **BMC Evolutionary Biology,** v. 16, n. 1, p. 1-14, 2016.

COLLINS, C. T.; GARRETT, K. L. The Black Skimmer in California: An overview. **Water Birds,** v. 27, p. 127-135, 1996.

COLLINSON, M. Splitting headaches? Recent taxonomic changes affecting the British and Western Palaearctic lists. **British Birds,** v. 99, n. 6, p. 306-323, 2006.

COPPINGER, M. P.; WILLIAMS, G. D.; MACLEAN, G. L. Distribution and breeding biology of the African Skimmer on the upper and middle Zambezi River. **Ostrich,** v. 59, n. 3, p. 85-96, 1988.

COURCHAMP, F.; CHAPUIS, J.; PASCAL, M. Mammal invaders on islands: impact, control and control impact. **Biological Reviews,** v. 78, p. 347-383, 2003.

CRACRAFT, J. Species Concepts in systematics and conservation biology – an ornithological viewpoint. In: **Claridge, M. F.; Dawah, H. A & Wilson, M. R. (Eds.), Species: The Units of Biodiversity.** New York, Chapman & Hall, 1997, p. 325-339.

CRANDALL, K. A.; BININDA-EMONDS, O. R.; MACE, G. M.; WAYNE, R. K. Considering evolutionary processes in conservation biology. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 15, n. 7, p. 290-295, 2000.

CRAW, R. C. Biogeography and biogeographical principles. **New Zealand Entomologist,** v. 8, p. 49-52, 1984.

CRISCI, J. V., KATINAS, L.; POSADAS, P. **Historical biogeography: an introduction.** Cambridge, MA: Harvard University Press, 2003. 264 p.

CRISTOFARI, R.; BERTORELLE, G.; ANCEL, A.; BENAZZO, A.; LE MAHO, Y.; PONGANIS, P. J.; STENSETH, N. C.; TRATHAN, P. N.; WHITTINGTON, J. D.; ZANETTI, E. Full circumpolar migration ensures evolutionary unity in the emperor penguin. **Nature Communications,** v. 7, p. 1-9, 2016.

CROCHET, P. A.; DESMARIAS, F. Slow rate of evolution in the mitochondrial control region of gulls (Aves, Laridae). **Molecular Biology and Evolution,** v. 17, p. 1797-1806, 2000.

CUMMING, G. S.; GAIDET, N.; NDLOVU, M. Towards a unification of movement ecology and biogeography: conceptual framework and a case study on Afrotropical ducks. **Journal of Biogeography,** v. 39, p. 1401-1411, 2012.

CURRY-LINDAHL, K. **Bird Migration in Africa.** London: Academic Press, 1981. p. 20-24.

CUSTER, T. W.; MITCHELL, C. A. Organochlorine contaminants and reproductive success of Black Skimmers in South Texas, 1984. **Journal of Field Ornithology,** v. 58, p. 480-489, 1987.

CUVIER, F. 1816. **Dictionnaire des sciences naturelles.** Paris: Editora Le Norman, 1816. p. 173-175.

DABBENE, R. Lariformes de la Republiva Argentina (Parte 3a). **Hornero,** v. 1, n. 4, p. 213-220, 1919.

DANTAS, G. P. M.; MEYER, D.; GODINHO, R.; FERRAND, N.; MORGANTE, J. S. Genetic variability in mitochondrial and nuclear genes of *Larus dominicanus* (Charadriiformes, Laridae) from the Brazilian coast. **Genetics and Molecular Biology,** v. 35, p. 874-885, 2012.

DANTAS, G. P. M.; SILVA, S. M.; CLOZATO, C.; PINCERATTI, M.; ALMEIDA, F.; OLIVEIRA, L. R.; AMARO, R. C.; SILVA, M. J. J.; LAGUNA, M. M.; MACHADO, T.; PRESTI, F. T.; VILAÇA, S.; FRANCISCO, R. S. **Introdução a Filogeografia Aplicada a Conservação Biológica de Vertebrados Neotropicais.** Curitiba: CRV, 2013. 194 p.

DAS, D. K. Breeding status of Indian Skimmer *Rynchops albicollis* in the National Chambal Sanctuary, India. **Indian Birds,** v. 10, n. 2, p. 53-54, 2015.

DAVENPORT, L. C.; NOLE, I.; CARLOS, N. East with the Night: Longitudinal Migration of the Orinoco Goose (*Neochen jubata*) Between Manu National Park, Perú and the Llanos de Moxos, Bolivia. **PLoS One,** v. 7, p. 1-7, 2012.

DAVENPORT, L. C.; GOODENOUGH, K. S.; HAUGAASEN, T. Birds of two oceans? Trans-Andean and divergent migration of black skimmers (*Rynchops niger cinerascens*) from the Peruvian Amazon. **PLoS ONE,** v. 11, n. 1, p. 1-14, 2016.

DAVEY, J. W.; BLAXTER, M. L. RADSeq: next-generation population Genetics. **Briefings in functional genomics,** v. 9, p. 416-423, 2011.

DAVEY, J. W.; HOHENLOHE, P. A.; ETTER, P. D.; BOONE, J. Q.; CATCHEN, J. M.; BLAXTER, M. L. Genome-wide genetic marker discovery and genotyping using next-generation sequencing. **Nature Reviews Genetics,** v. 12, n. 7, p. 499-510, 2011.

DAVEY, J. W.; CEZARD, T.; FUENTES-UTRILLA, P.; ELAND,C.; GHARBI, K.; BLAXTER, M. L. Special features of RAD Sequencing data: implications for genotyping. **Molecular Ecology,** v. 22, n. 11, p. 3151-3164, 2013.

DAVIS, T. A. W. Some nesting notes from the savannas of the Rupununi District, British Guiana. **Ibis,** v. 13, n. 5, p. 530-537, 1935.

DE CARVALHO, D.; INGVARSSON, P. K.; JOSEPH, J.; SUTER, L.; SEDIVY, C.; MACAYA-SANZ, D.; COTTRELL, J.; HEINZE, B.; SCHANZER, I.; LEXER, C. Admixture facilitates adaptation from standing variation in the European aspen (*Populus tremula* L.), a widespread forest tree. **Molecular Ecology Resources,** v. 19, n. 10, p. 1638-1650, 2010.

DE PIETRI, V. L.; COSTEUR, L.; GÜNTERT, M.; MAYR, G. A. Revision of the Lari (Aves, Charadriiformes) from the Early Miocene of Saint-Gérand-Le-Puy (Allier, France). **Journal of Vertebrate Paleontology,** v. 31, p. 812-828, 2011.

DEARBORN, D. C.; ANDERS, A. D.; SCHREIBER, E. A.; ADAMS, R. M. M.; MUELLER, U. G. Inter-island movements and population differentiation in a pelagic seabird. **Molecular Ecology,** v. 12, p. 2835-2843, 2003.

DEGRAAF, R. M.; RAPPOLE, J. H. **Neotropical Migratory Birds. Natural History, Distribution, and Population Change**. New York: Cornell University Press, 1996. 560 p.

DEL HOYO, J.; ELLIOTT, A.; SARGATAL, J. **Handbook of the Birds of the World.** Volume 3: Hoatzin to Auks. Order Charadriiformes. Barcelona: Lynx Edicion, 1996. 821 p.

DEMEY, R., LACK, P.; WEBB, R. Africa Round-up: Protection for African migrants. **Bulletin African Bird Club,** v. 14, n. 1, p. 10, 2007.

DESJARDINS, P.; MORAIS, R. Sequence and gene organisation of the chicken mitochondrial genome: a novel gene order in higher vertebrates. **Journal of Molecular Biology,** v. 212, p. 599-634, 1990.

DIAMOND, J. M; TERBORGH, J. W. Observations on bird distribution and feeding assemblages along the rio Callaria, Department of Loreto, Peru. **The Wilson Bulletin,** v. 79, n. 3, p. 273-282, 1967.

DICKEY, D. R.; VAN ROSSEM, A. J. Birds of El Salvador. Sumary of Ornithological Work. **Fild Museum of Natural History, Zoological Series,** v. 23, p. 11-60, 1938.

DIERICKX, E. G.; SHULTZ, A. J.; SATO, F.; HIRAOKA, T.; EDWARDS, S. V. Morphological and genomic comparisons of Hawaiian and Japanese Black-footed Albatrosses (*Phoebastria nigripes*) using double digest RADseq: implications for conservation. **Evolutionary Applications,** v. 8, p. 662-678, 2015.

DILAWAR, M.; SHARMA, V. A new breeding location of Indian Skimmer *Rynchops albicollis*, and notes on other birds in Son Gharial Wildlife Sanctuary, Madhya Pradesh, India. **Indian Birds,** v. 11, n. 2, p. 35-38, 2016.

DIMCHEFF, D. E.; DROVETSKI, S. V.; MINDELL, D. P. Phylogeny of Tetraoninae and other galliformbirds using mitochondrial 12S and ND2 genes. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 24, p. 203-215, 2002.

DUFFY, D. Breeding populations of terns and skimmers on Long Island Sound and eastern Long Island: 1972-1975. **Proceedings of the Linnean Society of New York,** v. 73, p. 1-48, 1977.

DUFFY, D. C. Terns and skimmers in Connecticut and eastern Long Island, N.Y., 1972-76. **Ibis,** v. 120, n. 1, p. 131, 1978.

DUFFY, D. C.; MCKNIGHT, A. L. Y.; DAVID, B. I. Trans-andean passage of migrating arctic terns over Patagonia. **Marine Ornithology,** v. 41, p. 155-159, 2013.

DUMBACHER, J.; THANE, K. P.; FLEISCHER, C. R. Phylogeny of the owlet-nightjars (Aves: Aegothelidae) based on mitochondrial DNA sequence. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 29, n. 3, p. 540-549, 2003.

EARL, D. A.; VON HOLDT, B. M. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. **Conservation Genetics Resources,** v. 4, p. 359-361, 2012.

EBERHARD, J. R.; BERMINGHAM, E. Phylogeny and biogeography of the *Amazona ochrocephala* (Aves: Psittacidae) complex. **Auk,** v. 121, n. 2, p. 318-332, 2004.

EDWARDS, S. V.; SHULTZ, A. J.; CAMPBELL-STATON, S. C. Next-generation sequencing and the expanding domain of phylogeography. **Folia Zoologica,** v. 64, n. 3, p. 187-206, 2015.

EGEVANG, C.; STENHOUSE, I. J.; PHILLIPS, R. A; PETERSEN, A.; FOX, J. W.; SILK, J. R. D. Tracking of Arctic terns *Sterna paradisaea* reveals longest animal migration. **Proceedings of the National Academy of Sciences,** v. 107, n. 5, p. 2078 - 2081, 2010.

ELPHICK, J. **The Atlas of Bird Migration: tracing the great journeys of the world's birds**. London: Natural History Museum, 2007. 180 p.

ELSHIRE, R. J.; GLAUBITZ, J. C.; SUN, Q.; POLAND, J. A.; KAWAMOTO, K.; BUCKLER, E. S.; MITCHELL, S. A Robust, Simple Genotyping-by-Sequencing (GBS) Approach for High Diversity Species. **PLoS ONE,** v. 6, n. 5, (e19379), p. 1-10, 2011.

ERWIN, R. M. Foraging and Breeding Adaptations to Different Food Regimes in Three Seabirds: the common tern, *Sterna hirundo*, royal tern, *Sterna maxima*, and black skimmer, *Rynchops niger*. **Ecological Society of America,** v. 58, n. 2, p. 389-397, 1977a.

ERWIN, R. M. Black skimmer breeding ecology and behavior. **Auk,** v. 94, n. 4, p. 709-717, 1977b.

ERWIN, R. M. Species interactions in a mixed colony of common terns (*Sterna hirundo*) and black skimmers (*Rynchops niger*). **Animal Behaviour,** v. 27, n. 4, p. 1054-1062, 1979.

ERWIN, R. M. Breeding habitat use by colonially nesting waterbirds in two mid-Atlantic US regions under different regimes of human disturbance. **Biological Conservation,** v. 18, n. 1, p. 39-51, 1980.

ERWIN, R. M.; HATFIELD, J. S.; WILMERS, T. J. The value and vulernability of small estuarine islands for conserving metapopulations of breeding waterbirds. **Biological Conservation,** v. 71, n. 2, p. 187-191, 1995.

ERWIN, R. M.; BRINKER, D. F.; WATTS, B. D.; COSTANZO, G. R.; MORTON, D. D. Islands at Bay: rising seas, eroding islands, and waterbird habitat loss in Chesapeake Bay (USA). **Journal of Coastal Conservation Planning and Management,** v. 15, p. 51-60, 2011.

ESCALANTE, R. Frequency of occurrence of some seabirds in Uruguay. **Condor,** v. 64, p. 510-512, 1962.

ETTER, P. D.; BASSHAM, S.; HOHENLOHE, P. A.; JOHNSON, E. A.; CRESKO, W. A. SNP discovery and genotyping for evolutionary genetics using RAD sequencing. In: **Orgogozo, V. & Rockman, M. V. (Eds.), Molecular Methods for Evolutionary Genetics.** New York: Human Press, 2011. p. 157-178.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software structure: a simulation study. **Molecular Ecology,** v. 14, p. 2611-2620, 2005.

EXCOFFIER, L.; SMOUSE, P. E.; QUATTRO, J. M. Analysis of molecular variance inferred from metric distances among DNA haplotypes: application to human mitochondrial DNA restriction data. **Genetics,** v. 131, p. 479-491, 1992.

EXCOFFIER, L.; LISCHER, H. E. L. Arlequin suite ver. 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. **Molecular Ecology Resources,** v. 10, n. 3, p. 564-567, 2010.

FAABORG, J.; HOLMES, R. T.; ANDERS, A. D.; BILDSTEIN, K. L.; DUGGER, K. J.; GAUTHREAUX, S. A. Recent advances in understanding migration systems of New World land birds. **Ecological Monographs,** v. 80, n. 1, p. 3-48, 2010.

FAIN, M. G.; HOUDE, P. Multilocus perspectives on the monophyly and phylogeny of the order Charadriiformes (Aves). **BMC Evolutionary Biology,** v. 7, p. 35, 2007.

FARIA, P. J.; BAUS, E.; MORGANTE, J. S.; BRUFORD, M. W. Challenges and prospects of population genetic in terns (Charadriiformes, Aves). **Genetics and Molecular Biology,** v. 30, p. 681-689, 2007.

FARIA, P. J.; CAMPOS, F. P.; BRANCO, J. O.; MUSSO, C.; MORGANTE, J. S.; BRUFORD, M. W. Population structure in the South American Tern *Sterna hirundinacea* in the South Atlantic: two populations with distinct breeding phenologies. **Journal of Avian Biology,** v. 41, p. 378-387, 2010.

FAVERO, M.; BACHMANN, S.; COPELLO, S.; MARIANO-JELICICH, R.; SILVA, M. P.; GHYS, M.; KHATCHIKIAN, C.; MAUCO, L. Aves marinas del Sudeste Bonaerense. In: **Iribarne, O. (Ed.), Reserva de Biósfera Mar Chiquita: características físicas, biológicas y ecológicas.** Mar del Plata: Universidad Nacional de Mar del Plata: Editorial Martin, 2001. p. 251-267.

FERNÁNDEZ, P. E.; PRATOLONGO, A. F. Large-billed Tern *Phaetusa simplex* west of the Peruvian Andes. **Cotinga,** v. 35, p. 116-117, 2013.

FFRENCH, R. **A guide to the Birds of Trinidad and Tobago.** Ithaca, New York: Cornell University Press, 1991. 426 p.

FFRENCH, R. P.; KENEFICK, M. Verification of rare bird records from Trinidad and Tobago. **Cotinga,** v. 19, p. 75-78, 2003.

FIJN, R. C.; HIEMSTRA, D.; PHILLIPS, R. A.; WINDEN, J. Arctic Terns *Sterna paradisaea* from the Netherlands migrate record distances across three oceans to Wilkes Land, East Antarctica. **Ardea,** v. 101, p. 3-12, 2013.

FISK, E. J. Roof-nesting terns, skimmers and plovers in Florida. **Florida Field Naturalist,** v. 6, n. 1, p. 1-8, 1978.

FRANKHAM, R.; BALLOU, J. D.; BRISCOE, D. A. **Introduction to conservation genetics.** Cambridge: Cambridge University Press, 2002. 617 p.

FRASER, K. C.; STUTCHBURY, B. J. M.; SILVERIO, C.; KRAMER, P. M.; BARROW, J.; NEWSTEAD, D.; MICKLE, N.; COUSENS, B. F.; LEE, J. C.; MORRISON, D. M.; SHAHEEN, T.; MAMMENGA, P.; APPLEGATE, K.; TAUTIN, J. Continent-wide tracking to determine migratory connectivity and tropical habitat associations of a declining aerial insectivore. **Proceedings of Biological sciences,** v. 279, n. 1749, p. 4901-4906, 2012.

FREELAND, J. R.; PETERSEN, S. D.; KIRK, H. **Molecular ecology.** New York: Wiley-Blackwell, 2011, 449 p.

FREER, J. J.; MABLE, B. K.; CLUCAS, G.; ROGERS, A. D.; POLITO, M. J.; DUNN, M.; NAVEEN, R.; LEVY, H.; HART, T. Limited genetic differentiation among chinstrap penguin (*Pygoscelis antarctica*) colonies in the Scotia Arc and western Antarctic Peninsula. **Polar biology,** v. 38, n. 9, p. 1493-1502, 2015.

FRETWELL, P. T.; LARUE, M. A.; MORIN, P.; KOOYMAN, G. L.; WIENECKE, B.; RATCLIFFE, N.; FOX, A. J.; FLEMING, A. H.; PORTER, C.; TRATHAN, P. N. An emperor penguin population estimate: the first global, synoptic survey of a species from space. **PLoS One,** v. 7, n. 4, (e33751), p. 1-11, 2012.

FRIESEN, V. L.; BAKER, A. J.; PIATT, J. F. Phylogenetic Relationships Within the Alcidae (Charadriiformes: Aves) Inferred from Total Molecular Evidence. **Molecular Biology and Evolution,** v. 13, n. 2, p. 359-367, 1996a.

FRIESEN, V. L.; MONTEVECCHI, W. A.; BAKER, A. J.; BARRET, R. T.; DAVIDSON, W. S. Population differentiation and evolution in the common guillemot *Uria aalge*. **Molecular Ecology,** v. 5, p. 793-805, 1996b.

FRIESEN, V. L.; BURG, T. M.; MCCOY, K. D. Mechanisms of population differentiation in seabirds. **Molecular Ecology,** v. 16, n. 9, p. 1765-1785, 2007.

FRIESEN, V. L. Speciation in seabirds: why are there so many species… why aren't there more?. **Journal of Ornithology,** v. 156, n. 1, p. 27-39, 2015.

FROHLING, R. C. American oystercatcher and black skimmer nesting on salt marsh. **The Wilson Bulletin,** v. 77, p. 193-194, 1965.

FU, Y. Statistical tests of neutrality of mutations against population growth, hitchhiking and background selection. **Genetics,** v. 147, p. 915-925, 1997.

FURNESS, R. W.; BONAN, A. Skuas (*Stercorariidae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the**

World Alive, Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52248>. Acesso em: 14/07/2018.

FUTUYMA, D. J. Population structure and genetic drift. **Evolutionary Biology,** Sinauer Associates, Sunderland, MA, 1998, 3 ed, cap. 10, p. 258-273.

FUTUYMA, D. **Evolution.** 2. ed: Sunderland, MA: Sinauer Associates Inc., 2009. 763 p.

GALTIER, N.; DEPAULIS, F.; BARTON, N. H. Detecting Bottlenecks and Seletive sweep from DNA Sequence polymorphism. **Genetics,** v. 155, p. 981-987, 2000.

GARCÍA-MORENO, J.; NAVARRO-SIGUENZA, A. G.; PETERSON, A. T.; SÁNCHEZ-GONZÁLEZ, L. A. Genetic variation coincides with geographic structure in the common bush-tanager (*Chlorospingus ophthalmicus*) complex from Mexico. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 33, p. 186-196, 2004.

GASTON, A. J.; BREWER, D.; DIAMOND, S. W.; WOODSWORTH, E. J.; COLLINS, B. T. **Canadian Atlas of Bird Banding, Seabirds,** v. 2. Canada: WildLife Service Publications, 2008. 186 p.

GAVIN, T. H.; WILLS, M. A.; SZÉKELY, T. A supertree approach to shorebird phylogeny. **BMC Evolutionary Biology,** v. 4, n. 1, p. 4-28, 2004.

GAZZANIGA, K. T. Overwintering of Black Skimmers in California: site fidelity and inter-site movements. **Western Birds,** v. 27, p. 136-142, 1996.

GENBANK. GenBank: NIH genetic sequence database, an annotated collection of all publicly available DNA sequences (Nucleic Acids Research). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank>. Acesso em: 09/08/2018.

GENEIOUS. Geneious v. 9.0.5 (Biomatters Ltda), software: molecular biology and NGS analysis tools. Disponível em: <https://www.geneious.com>. Acesso em: 03/06/2017.

GENOVART, M. L.; ORO, D.; BONHOMME, F. Genetic and Morphological differentiation between two largest breeding colonies of Audouin's Gull *Larus audouinii*. **Ibis,** v. 45, p. 448-456, 2003.

GIVEN, A. D.; MILLS, J. A.; BAKER A. J. Molecular Evidence for Recent Radiation in Southern Hemisphere Masked Gulls. **Auk,** v. 122, n. 1, p. 268-279, 2005.

GMELIN, J. F. **Systema Naturae.** p. 606, 1789.

GOCHFELD, M. Colony and nest site selection by black skimmers. **Proceedings of the Conference of the Colonial Waterbird Group,** v. 1, p. 78-90, 1977.

GOCHFELD, M. Breeding synchrony in black skimmers: colony vs. subcolonies. **Proceedings of the Conference of the Colonial Waterbird Group,** v. 2, p. 171-177, 1978.

GOCHFELD, M. Prevalence of oiled plumage of terns and skimmers on western Long Island, New York: baseline data prior to petroleum exploration. **Environmental Pollution,** v. 20, n. 2, p. 123-130, 1979.

GOCHFELD, M. Responses of young black skimmers to hight-intensity. **Animal Behaviour,** v. 29, p. 1137-1145, 1981.

GOCHFELD, M.; SALIVA, J.; LESSER, F.; SHUKLA, T.; Bertrand, D.; Burger, J. Effects of color on cadmium and lead levels in avian contour feathers. **Archives of Environmental Contamination and Toxicology,** v. 20, n. 4, p. 523-526, 1991.

GOCHFELD, M.; BURGER, J. Black skimmer. In: **Poole, A. &Gill, F. (Eds.), The Birds of North America,** American Ornithologists Union & The Academy of Natural Sciences of Philadelphia, 1994. v. 3, p. 1-29.

GOCHFELD, M.; BURGER, J. Family Sternidae (Terns). In: **Del Hoyo, J.; Elliott, A. & Sargatal, J. (Eds.), Handbook of the Birds of the World,** Lynx Edicion, Barcelona, 1996. v. 3, p. 624-667.

GOCHFELD, M.; BURGER, J.; KIRWAN, G. M.; CHRISTIE, D. A.; GARCIA, E. F. J. Greater Crested Tern (*Thalasseus bergii*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018a. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/54019>. Acesso em: 09/07/2018.

GOCHFELD, M.; BURGER, J., KIRWAN, G. M.; GARCIA, E. F. J. Large-billed Tern (*Phaetusa simplex*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018b. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/54048>. Acesso em: 18/07/2018.

GOCHFELD, M.; BURGER, J.; BONAN, A. Terns (*Sternidae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018c. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52250>. Acesso em: 28/07/2018.

GOODWIN, C. E The nesting season. June 1 – July 31, 1978. Ontario region. **American Birds,** v. 32, n. 6, p. 1153-1156, 1978.

GOPI, G. V.; JENA, A. K.; PANDAV, B. Bhitarkanika Wildlife Sanctuary (Orissa), a key congregation area for Indian Skimmer *Rynchops albicollis*. **Birding Asia,** v. 5, p. 78, 2006.

GRANT, G. S.; HOGG, N. Behavior of late-nesting black skimmers at Salton Sea, California. **Western Birds,** v. 7, n. 3, p. 73-80, 1976.

GRANT, G. S. Foot-wetting and belly-soaking by incubating gull-billed terns and black skimmers. **Journal of the Bombay Natural History Society,** v. 75, n. 1, p. 148-152, 1978a.

GRANT, G. S. Black skimmers in California. **Pacific Discovery,** v. 31, n. 5, p. 10-12, 1978b.

GRANT, G. S.; PAGANELLI, C. V.; RAHN, H. Microclimate of Gull-billed Tern and Black Skimmer nests. **Condor,** v. 86, p. 337-338, 1984.

GRANTSAU, R. **Guia completo para identificação das Aves do Brasil.** Volume 1. São Carlos, SP: Editora vento verde, 2010. 595 p.

GREENE, L. L.; KALE, H. W. Roof nesting by black skimmers. **Florida Field Naturalist,** v. 4, n. 1, p. 15-17, 1976.

GRISCOM, L. Critical Notes on Central American Birds in the British Museum. **Ibis,** v. 13, n. 5, p. 541-554, p. 545, 1935.

GROOM, M. J. Sand-colored nighthawks parasitize the antipredator behavior of three nesting bird species. **Ecology,** v. 73, p. 785-793, 1992.

GROOMBRIDGE, J. J.; JONES, C. G.; NICHOLS, R. A.; CARLTON, M.; BRUFORD, M. W. Molecular phylogeny and morphological change in the *Psittacula* parakeets. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 1, p. 96-108, 2004.

GROVES, F. H. Chick retrieval by black skimmer. **Florida Field Naturalist,** v. 5, n. 2, n. 48-49, 1977.

GUDMUNDSSON, A. G.; BENVENUTI, S.; ALERSTAM, T.; PAPI, F.; LILLIENDAHL, K.; AKESSON, S. Examining the Limits of Flight and Orientation Performance: Satellite Tracking of Brent Geese Migrating across the Greenland Ice-Cap. **Proceedings of The Royal Society,** v. 261, p. 73-79, 1995.

GUNDLACH, J. Tabellarische Übersicht aller bisher auf Cuba beobachteten Vögel. **Journal für Ornithologie,** v. 9, n. 53, p. 322-350, 1861.

GUREVITCH, J.; PADILLA, D. K. Are invasive species a major cause of extinctions?, **TREE,** v. 19, p. 470-474, 2004.

GWINNER, E. **Bird Migration: Physiology and Ecophysiology.** Berlin: Springer-Verlag, 1990. p. 7-21.

GYLDENSTOLPE, N. Types of Birds in the Royal Natural History Museum in Stockholm. **Arkiv För Zoologi,** v. 19, n. 1, p. 103-104, 1926.

HACKETT, S. Molecular phylogeny and biogeography of tanagers in the genus *Ramphocelus* (Aves). **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 5, p. 368-382, 1996.

HAGAN, J. M.; JOHNSTON, D. W. **Ecology and conservation of Neotropical migrant landbirds.** Washington, D.C.: Smithsonian Institution Press, 1992. p. 1-20.

HAIG, S. M. Molecular contributions to conservation. **Ecology,** v. 79, p. 413-425, 1998.

HAMMER, Ø.; HARPER, D. A. T.; RYAN, P. D. *PAST:* Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica,** v. 4, n. 1, p. 1-9, 2001.

HÄRLID, A.; JANKE, A.; ÁRNASON, U. The complete mitochondrial genome of Rhea americana and early avian divergences. **Journal of Molecular Evolution,** v. 46, p. 669-679, 1998.

HARRISON, G. K.; MCLENACHAN, P. A.; PHILLIPS, M. J.; SLACK, K. E.; COOPER, A.; PENNY, D. Four new avian mitochondrial genomes help get to basic evolutionary questions in the Cretaceous. **Molecular Biology and Evolution,** v. 21, p. 974-983, 2004.

HARRISON, P. **Seabirds: an identification guide.** Boston: Houghton Mifflin Company, 1985. 448 p.

HARRISON, R. G.; RAND, D. M.; WHEELER, W. C. Mitochondrial DNA variation in field crickets across a narrow hybrid zone. **Molecular Biology and Evolution,** v. 4, p. 144-158, 1987.

HARRISON, R. G. Animal mitochondrial DNA as a genetic marker in population and evolutionary biology. **TREE,** v. 4, p. 6-11, 1989.

HARTERT, E.; VENTURI, S. Notes sur les oiseaux de la République Argentine. **Novitates Zoologicae,** v. 16, p. 159-267, 1909.

HARVEY, M. G.; BRUMFIELD, R. T. Genomic variation in a wide- spread Neotropical bird (*Xenops minutus*) reveals divergence, population expansion, and gene flow. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 83, p. 305-316, 2015.

HARVEY, M. G.; SMITH, B. T.; GLENN, T. C.; FAIRCLOTH, B. C.; BRUMFIELD, R. T. Sequence Capture Versus Restriction Site Associated DNA Sequencing for Phylogeography. 2014. Disponível em: <https://pdfs.semanticscholar.org/bf8e/a234d15e20b3e307941512f6fd4dce15dae6.pdf>. Acesso: 25/03/2018.

HAWKES, L. A.; BALACHANDRAN, S.; BATBAYAR, N.; BUTLER, P. J.; FRAPPELL, P. B.; MILSOM, W. K.; TSEVEENMYADAG, N.; NEWMAN, S. H.; SCOTT, G. R.;

SATHIYASELVAM, P.; TAKEKAWA, J. Y.; WIKELSKI, M.; BISHOP, C. M. The trans-Himalayan flights of bar-headed geese (*Anser indicus*). **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA,** v. 108, n. 23, p. 9516-9519, 2011.

HAWKES, L. A.; BALACHANDRAN, S.; BATBAYAR, N.; BUTLER, P. J.; CHUA, B.; DOUGLAS, D. C.; FRAPPELL, P. B.; HOU, Y.; MILSOM, W. K.; NEWMAN, S. H.; PROSSER, D. J.; SATHIYASELVAM, P.; SCOTT, G. R.; TAKEKAWA, J. Y.; NATSAGDORJ, T.; WIKELSKI M.; WITT, M. J.; YAN, B.; BISHOP, C. M. The paradox of extreme high-altitude migration in bar-headed geese *Anser indicus*. **Proceedings of Biological sciences,** v. 280, n. 1750, p. 2012-2114, 2013.

HAYES, F. E. Definitions for Migrant Birds: What is a Neotropical Migrant?. **Auk,** v. 112, n. 2, p. 521-523, 1995.

HBW. Handbook of the Birds of the World Alive, Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com>. Acesso em: 11/11/2017.

HECKSCHER, C. M.; TAYLOR, S. M.; FOX, J. W.; AFANASYEV, V. Veery (*Catharus fuscescens*) wintering locations, migratory connectivity, and a revision of its winter range using geolocator technology. **Auk,** v. 128, p. 531-542, 2011.

HEDGES, S. B.; SIBLEY, C. G. Molecules vs. morphology in avian evolution: the case of the "Pelecaniformes" birds. **Proceedings of the National Academy of Sciences of USA,** v. 91, n. 21, p. 9861-9865, 1994.

HELLMAYR, C. E. Notes on a collection of birds, made by Mons. A. Robert in the district of Pará, Brazil. **Novitates Zoologicae,** v. 12, p. 715, 1905.

HELLMAYR, C. E. An account of the birds collected by Mons. G. A. Baer in the state of Goyaz, Brazil. **Ibid,** v. 15, p. 13-102, 1908.

HELLMAYR, C. E. The birds of Chile. **Zoological Series of Field Museum of Natural History,** v. 308, n. 19, p. 1-472, 1932.

HELLMAYR, C. E.; CONOVER, B. Catalogue of birds of the Américas Part I. Chicago: **Zoological Series of Field Museum of Natural History**, v. 13, n. 2, 1948. 383 p.

HELYAR, S. J.; HEMMER-HANSEN, J.; BEKKEVOLD, D.; TAYLOR, M. I.; OGDEN, R.; LIMBORG, M. T.; CARIANI, A.; MAES, G. E.; DIOPERE, E.; CARVALHO, G. R.; NIELSEN, E. E. Application of SNPs for population genetics of nonmodel organisms: new opportunities and challenges. **Molecular Ecology Resources,** v. 1, p. 123-136, 2011.

HENDRICKS, S.; EPSTEIN, B.; SCHÖNFELD, B.; WIENCH, C.; HAMEDE, R.; JONES M.; STORFER A.; HOHENLOHE, P. Conservation implications of limited genetic

diversity and population structure in Tasmanian devils (*Sarcophilus harrisii*). **Conservation Genetics,** v. 18, n. 4, p. 977-982, 2017.

HENDRY, A. P.; DAY, T. Population structure attributable toreproductive time: isolation by time and adaptation by time. **Molecular Ecology,** v. 14, p. 901-916, 2005.

HOCKEY, A. R. P. & LESEBERG, A.; LOEWENTHAL, D. Dispersal and migration of juvenile African Black Oystercatchers *Haematopus moquini*. **Ibis,** v. 145, n. 3, p. 114-123, 2003.

HOHENLOHE, P. A.; BASSHAM, S.; ETTER, P. D.; STIFFLER, N.; JOHNSON, E. A.; CRESKO, W. A. 2010. Population genomics of parallel adaptation in threespine stickleback using sequenced RAD tags. **PLoS Genetics,** v. 6, n. 2, (e1000862), 2010.

HU, C.; ZHANG, C.; SUN, L.; ZHANG, Y.; XIE, W.; ZHANG, B.; CHANG, Q. The mitochondrial genome of pin-tailedsnipe *Gallinago stenura*, and its implicationsfor the phylogeny of Charadriiformes. **PLoS ONE,** v. 12, n. 4, (e0175244), p. 1-19, 2017.

HUANG, X.; BÖRNER, A.; RÖDER, M.; GANAL, M. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers. **Theoretical and Applied Genetics,** v. 105, p. 699-707, 2002.

HUGHES, R. A. Notes on the birds of the mollendo district, southwest Peru. **Ibis,** v. 112, n. 2, p. 229-241, 1970.

IBC. The Internet Bird Collection. Handbook of the Birds of the World (v. 3:664; 676). 2014. Disponível em: <http://ibc.lynxeds.com/>. Acesso em: 22/07/2014.

ICZN. International Commission on Zoological Nomenclature. International Code of Zoological Nomenclature. Disponível em: <http://www.iczn.org/iczn/index.jsp>. Acesso em: 21/02/2016.

IHERING, H. O Rio Juruá. **Revista do Museu Paulista**, v. 6, p. 385-460, 1904.

IHERING, H.; IHERING, R. 1907. **As Aves do Brazil. Catálogos da Fauna Brasileira,** volume 1. São Paulo: Museu Paulista, 1907. p. 43.

IUCN. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2018-1. Disponível em: <www.iucnredlist.org>. Acesso em: 01/04/2018.

JACKSON, J. A.; SCHARDIEN, B. J.; COOLEY, C. D. Dispersion, phenology and population sizes of nesting colonial seabirds on the Mississippi gulf coast. **Proceedings of the Conference of the Colonial Waterbird Group,** v. 3, p. 145-155, 1979.

JAHN, A. E.; CUETO, V. R.; SAGARIO, M. C.; MAMANI, A. M.; QUILLEN, V. J.; LOPEZ, C. J. Breeding and winter site fidelity among eleven Neotropical austral migrant bird species. **Ornitolologia Neotropical,** v. 20, p. 275-283, 2009.

JAHN, A. E.; LEVEY, D. J.; CUETO, V. R.; LEDEZMA, J. P.; TUERO, D. T.; FOX, J. W. Long-distance bird migration within South America revealed by light-level geolocators. **Auk,** v. 130, n. 2, p. 223-229, 2013.

JOMBAR, T. Adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. **Bioinformatics,** v. 24, p. 1403-1405, 2008.

JOMBAR, T.; DEVILLARD, S.; BALLOUX, F. Discriminant analysis of principal components: a new method for the analysis of genetically structured populations. **BMC Evolutionary Biology,** v. 11, n. 1, p. 1-15, 2010.

KANE, R.; BUCKLEY, P. A.; GOLUB, J. Large-billed Tern in New Jersey: North America's first confirmed occurrence. **American Birds,** v. 43, p. 1275-1726, 1989.

KENNEDY, M.; SPENCER, H. G. Phylogenies of the frigatebirds (Fregatidae) and tropicbirds (Phaethonidae), two divergent groups of the traditional Order Pelecaniformes, inferred from mitochondrial DNA sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 31, p. 31-38, 2004.

KESSLER, L. G.; AVISE, J. C. A comparative description of mitochondrial DNA differentiation in selected avian and other vertebrate genera. **Molecular Biology and Evolution,** v. 2, n. 2, p. 109-25, 1985.

KIDD, M. G.; FRIESEN, V. L. Sequence variation in the guillemot (Alcidae: Cepphus) mitochondrial control region and its nuclear homolog. **Molecular Biology and Evolution,** v. 15, n. 1, p. 61-70, 1998.

KIMURA, M. **The neutral theory of molecular evolution.** Cambridge: University Press, 1983. 367 p.

KING, M. C.; WILSON, A. C. Evolution at two levels in humans and chimpanzees. **Science,** v. 188, p. 107-116, 1975.

KLIMAITIS, J.; MOSCHIONE, F. Observaciones sobre Nidificación Asociada en *Charadrius collaris*, *Sterna superciliosus* y *Rynchops nigra* en el Río Uruguay, Entre Ríos, Argentina. **Hornero,** v. 12, n. 3, p. 197-202, 1984.

KNIJFF, P.; DENKERS, F.; VAN SWELM, N. D.; KUIPER, M. Genetic affinities within the herring gull *Larus argentatus* assemblage revealed by AFLP genotyping. **Journal of Molecular Evolution,** v. 52, n. 1, p. 85-93, 2001.

KOCHER, T. D.; THOMAS, W. K.; MEYER, A.; EDWARDS, S. V.; PÄÄBO, S.; VILLABLANCA, F. X. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. **Proceedings of the National Academy of Sciences of USA,** v. 86, p. 6196-6200, 1989.

KOFORD, R. R.; DUNNING, J. B.; RIBIC, C. A.; FINCH, D. D. M. A glossary for avian conservation biology. **The Wilson Bulletin,** v. 106, p. 121-137, 1994.

KONYUKHOV, N. B. Possible Ways of Spreading and Evolution of Alcids. **Biology Bulletin of the Russian Academy of Sciences,** v. 29, n. 5, p. 447454, 2002.

KRANNITZ, P. A. M. G. Nesting Biology of Black Skimmers, Large-Billed Terns, and Yellow-Billed Terns in Amazonian Brazil. **Journal of Field Ornithology,** v. 60, n. 2, p. 216-223, 1989.

KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular Biology and Evolution,** v. 33, p. 1870-1874, 2016.

LAMBERTUCCI, S. A.; ALARCÓN, P. A. E.; HIRALDO, F.; ANCHEZ-ZAPATA, J. A.; BLANCO, G.; DONÁZAR, J. A. Apex scavenger movements call for transboundary conservation policies. **Biological Conservation,** v. 170, p. 156-150, 2014.

LATHAM, J. **A General Synopsis of Birds (with Plates), v. 2-3.** London: Leigh & Sotheby, 1785. p. 347-350.

LATHAM, J. **A General Synopsis of Birds.** (1781-1783). London: Printed for Benj. White, 1790. p. 902.

LAYNE, V. L. RICHMOND, R. J.; METROPULOS, P. J. First nesting of Black Skimmers on San Francisco Bay. **Western Birds,** v. 27, p. 59-162, 1996.

LESSON, R. P. **Traité d'Ornithologie.** Paris: Levrault, 1831. 659 p.

LEVEY, D. J. Why we should adopt a broader view of Neotropical migrants. **Auk,** v. 111, p. 233-236, 1994.

LEVY, H.; CLUCAS, G. V.; ROGERS, A. D.; LEACHÉ, A. D.; CIBOROWSKI, K. L.; POLITO, M. J.; LYNCH, H. J.; DUNN, M. J.; HART, T. Population structure and phylogeography of the gentoo penguin (*Pygoscelis papua*) across the Scotia Arc. **Ecology and Evolution,** v. 6, n. 6, p. 1834-1853, 2016.

LICHTENSTEIN, H. **Verzeichniss der Doubletten des zoologischen Museums der Königl. Universität zu Berlin nebst Beschreibung vieler bisher unbekannter Arten von Säugethieren, Vögeln, Amphibien und Fischen**. Berlin: T. Trautwein, 1823.p. 81.

LIEBERS, D.; HELBIG, A. J.; KNIFF, D. Genetic differentiation and phylogeography of gulls in the *Larus cachinnans-fuscus* group (Aves: Charadriiformes). **Molecular Ecology,** v. 10, p. 2447-2462, 2001.

LIEBERS, D.; HELBIG, A. J. Phylogeography and colonization history of lesser black-backed gulls (*Larus fuscus*) as revealed by mtDNA sequences. **Journal of Evolutionary Biology,** v. 15, p. 1021-1033, 2002.

LIEBERS, D.; KNIJFF, P.; HELBIG, A. J. The herring gull complex is not a ring species. **Proceedings of the Royal Society of London,** v. 271, p. 893-901, 2004.

LIM, H. C.; GAWIN, D.; SHAKYA, S. B.; HARVEY, M. G.; RAHMAN, M. A.; SHELDON, F. H. Sundaland's east-west rain forest population structure: Variable manifestations in four polytypic bird species examined using RAD-Seq and plumage analyses. **Journal of Biogeography,** p. 1-13, 2017.

LINNAEUS, C. **Systema Naturae per regna tria naturae: secundun classes, ordines, genera, species, cum characteribus, diffentiis, synonymis, locis. Holmiae**: impresis Direct. Laurentii Salvii, p. 78-140, 1758.

LIVEZEY, B. C. Phylogenetics of modern shorebirds (Charadriiformes) based on phenotypic evidence: analysis and discussion. **Zoological Journal of the Linnean Society,** v. 160, p. 567-618, 2010.

LIVEZEY, B. C.; ZUSI, R. L. Higher-order phylogeny of modern birds (Theropoda, Aves: Neornithes) based on comparative anatomy. II. Analysis and discussion. **Zoological Journal of the Linnean Society,** v. 149, p. 1-95, 2007.

LUQUE, C.; TEJADA, C. Primer registro de Gaviotín de Pico Grande (*Phaetusa simplex*) en el Santuario Nacional Lagunas de Mejía y en la costa sur del Perú. **Boletín de la Unión de Ornitólogos del Perú,** v. 8, n. 1, p. 6-9, 2013.

LYNCH, H.; LARUE, M. First global census of the adélie penguin. **Auk,** v. 131, n. 4, p. 457-466, 2014.

MABUCHI, K.; NAKABO, T.; NISHIDA, M. Molecular phylogeny of the antitropical genus *Pseudolabrus* (Perciformes: Labridae): evidence for a Southern Hemisphere origin. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 32, n. 1, p. 375-82, 2004.

MACCAULEY, D. E. Genetics consequences of local Population Extinction and recolonization. **TREE,** v. 6, p. 6-8, 1991.

MACLEAN, G. L.; BONAN, A. Coursers, Pratincoles (*Glareolidae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the**

Birds of the World Alive, Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52242>. Acesso em: 14/07/2018.

MALDONADO-COELHO, M.; BLAKE, J. G.; SILVEIRA, L. F.; BATALHA-FILHO, H.; RICKLEFS, R. E. Rivers, refuges and population divergence of fire-eye antbirds (*Pyriglena*) in the Amazon Basin. **Journal of evolutionary biology,** v. 26, n. 5, p. 1090-1107, 2013.

MARIANO-JELICICH, R.; BOTTO, F.; MARTINETTO, P.; IRIBARNE, O.; FAVERO, M. Trophic segregation between sexes in the Black Skimmer revealed through the analysis of stable isotopes. **Marine Biology,** v. 155, n. 4, p. 443-450, 2008.

MARIANO-JELICICH, R.; FAVERO, M. Assessing the Diet of the Black Skimmer Through Different Methodologies: Is the Analysis of Pellets Reliable?. **Waterbirds,** v. 29, n. 1, p. 81-87, 2006.

MARIANO-JELICICH, R.; FAVERO, M.; SILVA, M. P. Fish prey of the Black Skimmer *Rynchops niger* at Mar Chiquita, Buenos Aires Province, Argentina. **Marine Ornithology,** v. 31, n. 2, p. 199-202, 2003.

MARIANO-JELICICH, R.; MADRID, E. Microssatellite Variability Among Black Skimmer (*Rynchops niger intercedens*) Populations in Southern America. **Waterbirds,** v. 37, p. 175-182, 2014.

MARIANO-JELICICH, R.; MADRID, E.; FAVEROL, M. Sexual dimorphism and diet segregation in the Black Skimmer *Rynchops niger*. **Ardea,** v. 95, n. 1, p. 115-124, 2007.

MARTIN, A. P.; PALUMBI, S. R. Body size, metabolic rate, generation time, and the molecular clock. **Proceedings of the National Academy of Sciences of USA,** v. 90, n. 9, p. 4087-4091, 1993.

MARTIN, G. R.; MCNEIL, R.; ROJAS, L. M. Vision and the foraging technique of skimmers (Rynchopidae). **Ibis,** v. 149, n. 4, p. 750-757, 2007.

MATIOLI, S. R.; FERNANDES, F. M. C. **Biologia Molecular e Evolução.** Ribeirão Preto, SP: Holos, 2012. 249 p.

MATSUURA, K. The Climate Data Guide: Global (land) precipitation and temperature: Willmott & Matsuura, University of Delaware. National Center for Atmospheric Research. 2017. Disponível em: <https://climatedataguide.ucar.edu/climate-data/global-land-precipitation-and-temperature-willmott-matsuura-university-delaware>. Acesso em: 02/01/2017.

MCCASKIE, G.; LISTON, S.; RAPLEY, W. A. First nesting of black skimmer in California. **Condor,** v. 76, n. 3, p. 337-338, 1974.

MCCORMACK, J. E.; HIRD, S. M.; ZELLMER, A. J.; CARSTENS, B. C.; BRUMFIELD, R. T. Applications of next-generation sequencing to phylogeography and phylogenetics. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 66, p. 526-538, 2013.

MCGRAW, K. J.; SAFRAN, R. J.; WAKAMATSU, K. How feather colour reflects its melanin content. **Functional Ecology,** v. 19, n. 5, p. 816-821, 2005.

MCLAUGHLIN, V. P. Occurrence of Large-billed Tern (*Phaetusa simplex*) in Ohio. A long overdue documentation. **Rare Occurrence,** v. 33, n. 5, p. 727, 1979.

MEFFE, G. K.; CARROLL, C. R. **Principles of conservation biology.** 2. ed: Sunderland, MA: Sinauer Associates Inc., 1997, p. 3-27.

MELLINK, E.; PALACIOS, E.; AMADOR, E. Colonies of Four Species of Terns and the Black Skimmer in Western Mexico. **Waterbirds,** v. 30, n. 3, p. 358-366, 2007.

MELLINK, E.; RIOJAS-LÓPEZ, M.; LUÉVANO, J. Breeding locations of seven Charadriiformes in coastal Southwestern Mexico. **Waterbirds,** v. 32, n. 1, p. 44-53, 2009.

MILANO, L.; BABUCCI, M.; PANITZ, F.; OGDEN, R.; NIELSEN, R. O.; TAYLOR, M. L.; HELYAR, S. J.; CARVALHO, G. R.; ESPIÑEIRA, M.; ATANASSOVA, M.; TINTI, F.; MAES, G. E.; PATARNELLO, T.; BARGELLONI, L. Novel tools for conservation genomics: comparing two high-throughput approaches for SNP discovery in the transcriptome of the European hake. **PLoS One,** v. 6, n. 11, (e28008), p. 1-13, 2011.

MILOSLAVICH, P.; KLEIN, E.; DÍAZ, J. M.; HERNÁNDEZ, C. E.; BIGATTI, G.; CAMPOS, L.; ARTIGAS, F.; CASTILLO, J.; PENCHASZADEH, P. E.; NEILL, P. E.; CARRANZA, A.; RETANA, M. V.; ASTARLOA J. M. D.; LEWIS, M.; YORIO, P.; PIRIZ, M. L.; RODRÍGUEZ, D.; YONESHIGUE-VALENTIN, Y.; GAMBOA, L.; MARTÍN, A. Marine Biodiversity in the Atlantic and Pacific Coasts of South America: Knowledge and Gaps. **PLoS ONE,** v. 6, n. 1, (e14631), p. 1-46, 2011.

MILOT, E.; WEIMERSKIRCH, H.; BERNATCHEZ, L. The seabird paradox: dispersal,genetic structure and population dynamics in a highly mobile, but philopatric albatross species. **Molecular Ecology,** v. 17, p. 1658-1673, 2008.

MINDELL, D. P.; SORENSON, M. D.; DIMCHEFF, D. E. Multiple independent origins of mitochondrial gene order in birds. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA,** v. 95, n. 18, p. 10693-10697, 1998.

MOLINA, K. C. Population status and breeding biology of Black Skimmers at the Salton Sea, California. **Water Birds,** v. 27, p. 143-158, 1996.

MONROE, B. L. J.; SIBLEY, C. G. **A World Checklist of Birds.** New Haven: Yale University Press, 1993. 400 p.

MORIN, P. A.; LUIKART, G.; WAYNE, R. K. Applications of SNPs in **ecology,** evolution, and conservation. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 19, n. 4, p. 208-216, 2004.

MORITZ, C. Defining evolutionarily significant units for conservation. **TREE,** v. 9, p. 373-375, 1994a.

MORITZ, C. Applications of mitochondrial-DNA analysis in conservation – a critical review. **Molecular Ecology,** v. 17, p. 3448-3463, 1994b.

MORITZ, C. Strategies to Protected biological diversity and the evolutionary processes that sustain it. **Systematics Biological,** v. 51, p. 238-254, 2002.

MORRISON, R. I. G.; SERRANO, I. L.; ANTAS, P. T.; ROSS, R. K. Aves migratórias no Pantanal: distribuição de aves limícolas neárticas e outras espécies aquáticas no Pantanal. Campo Grande: WWF-Brasil, 2008. 98 p.

MORRIS-PACOCK, J. A.; STEEVES, T. E.; ESTELA, F. A.; ANDERSON, D. J.; FRIESEN, V. L. Comparative phylogeography of brown (*Sula leucogaster*) and red-footed boobies (*S. sula*): the influence of physical barriers and habitat preference on gene flow in pelagic seabirds. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 54, n. 3, p. 883-896, 2010.

MORRIS-PACOCK, J. A.; TAYLOR, S. A.; BIRT, T. P.; DAMUS, M.; PIATT, F. F.; WARHEIT, K. I.; FRIESEN, V. L. Population genetic structure in Atlantic and Pacific Ocean common murres: natural replicate tests of post-Pleistocene evolution. **Molecular Ecology,** v. 17, p. 4859-4873, 2008.

MOUM, T.; ARNASON, E. Genetic diversity and population history of two related seabird species based on mitochondrial DNA control region sequences. **Molecular Ecology,** v. 10, n. 10, p. 2463-2478, 2001.

MOUM, T.; ARNASON, U.; ÁRNASON, E. Mitochondrial DNA Sequence Evolution and Phylogeny of the Atlantic Alcidae, Including the Extinct Great Auk (*Pinguinus impennis*). **Molecular Biology and Evolution,** v. 19, n. 9, p. 1434-1439, 2002.

MOYNIHAN, M. A revision of the family Laridae. **American Museum Novitates,** v. 1928, p. 1-42, 1959.

MUNSELL. **Soil, color charts, revised edition.** New York: Macbeth Division of Kollmorgan Instruments Corporation, New Windsor, 1994.

MURPHY, R. C. **Oceanic birds of South America,** New York: American Museum of Natural History, v. 2, p. 1179-1210, 1936.

MYERS, J. P.; MORRISON, R. I. G.; ANTAS, P. Z.; HARRINGTON, B. A.; LOVEJOY, T. E.; SALLABERRY, M.; SENNER, S. E.; TARAK, A. Conservation strategy for migratory species. **American Scientist,** v. 75, n. 1, p. 19-26, 1987.

NASCIMENTO, J. L. X. Migração e dados demográficos do marrecão *Netta peposaca* (Anseriformes, Anatidae) no sul do Brasil, Uruguai, Paraguai e norte da Argentina. **Melopsittacus,** v. 3, n. 4, p. 143-158, 2000.

NAUMBURG, E. M. B. The Birds of Matto Grosso, Brazil. A Report on the birds secured by the Roosevelt-Rondon Expedition. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 60, p. 70-99, 1930.

NEI, M. **Molecular Evolutionary Genetics.** New York: Columbia University Press, 1987. 512 p.

NETTLESHIP, D. N. Family Alcidae (Auks). In: **Del Hoyo, J.; Elliott, A. & Sargatal, J. (Eds.), Handbook of the Birds of the World,** Lynx Edicion, Barcelona, 1996. v. 3, p. 678-722.

NETTLESHIP, D. N.; BONAN, A. Auks (*Alcidae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52252>. Acesso em: 14/07/2018.

NEWTON, I. **The Migration Ecology of Birds.** London: Academic Press. 2008. 984 p.

NICHOLSON, D. J. Nocturnal fresh-water wandering of the Black Skimmer. **Auk,** v. 65, p. 299-300, 1948.

NISBET, I. A. C. T. Effects of pollution on marine birds. In: **Nettleship, DN.; Burger, J. & Gochfeld, M. (Eds.), Seabirds on islands: Threats, case studies and action plans,** Birdlife International Series, 1994. v. 1, p. 8-23.

NISBET, I. C. T.; VEIT, R. R.; AUER, S. A.; WHITE, T. P. **Marine birds of the eastern United States and the Bay of Fundy.** Cambridge, MA: Nuttall Ornithological Monograph, 2013. 188 p.

NORES, M.; YZURIETA, D. **Aves de ambientes acuáticos de Córdoba y centro de Argentina.** Córdoba: Secretaria de Estado de Agricultura y Ganaderia, 1980. 236 p.

O'CONNELL, T. J.; BECK, R. A. Gull predation limits nesting success of terns and skimmers on the Virginia barrier islands. **Journal of Field Ornithology,** v. 74, n. 741, p. 66-73, 2003.

OCAMPO, D.; LONDOÑO, G. A. Tropical montane birds have increased nesting success on small river islands. **Auk,** v. 132, p. 1-10, 2015.

ODEEN, A.; HÅSTAD, O.; ALSTRÖM, P. Evolution of ultraviolet vision in shorebirds (Charadriiformes). **Biology letters,** v. 6, n. 3, p. 370-4, 2010.

OLMOS, F.; MARTUSCELLI, P.; SILVA, R.; NEVES, T. S. The sea-birds of São Paulo, southeastern Brazil. **Bulletin of the British Ornithologists' Club,** v. 115, n. 2, p. 117-128, 1995.

OOSTERMEIJER, J. G. B.; LUIJTEN, S. H.; DEN NIJS, J. C. M. Integrating demographic and genetic approaches in plant conservation. **Biological Conservation,** v. 113, n. 3, p. 389-398, 2003.

OREN, D. C.; PARKER, T. A. 1997. Avifauna of the Tapajós National Park and Vicinity, Amazonian Brazil. **Ornithological Monographs,** v. 48, p. 493-525, 1997.

OVERTON, L. C.; RHOADS, D. D. Molecular phylogenetic relationships based on mitochondrial and nuclear gene sequences for the todies (*Todus*, Todidae) of the Caribbean. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 32, p. 524-538, 2004.

OWEN, T. M.; PIERCE, A. R. Hatching success and nest site characteristics of Black Skimmer (*Rynchops niger*) on the Isles Dernieres Barrier Island Refuge, Louisiana. **Waterbirds,** v, 36, n. 3, p. 342-347, 2013.

PALKOVACS, E. P.; HASSELMAN, D. J.; ARGO, E. E.; GEPHARD, S. R.; LIMBURG, K. E.; POST, D. M.; SCHULTZ, T. F.; WILLIS, T. V. Combining genetic and demographic information to prioritize conservation efforts for anadromous alewife and blueback herring. **Evolutionary Applications,** v. 7, n. 2, p. 212-226, 2014.

PALM, E. C.; NEWMAN, S. H.; PROSSER, D. J.; XIAO, X.; ZE, L.; BATBAYAR, N. Mapping migratory flyways in Asia using dynamic Brownian bridge movement models. **Movement Ecology,** v. 3, n. 1, p. 1-10, 2015.

PAPADOPOULOU, A.; KNOWLES, L. L. Toward a paradigm shift in comparative phylogeography driven by trait-based hypotheses. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA,** v. 113, n. 29, p. 8018-8024, 2016.

PATIRANA, A.; HATCH, S. A.; FRIESEN, V. L. Population differentiation in the red-legged kittiwake (*Rissa brevirostris*) as revealed by mitochondrial DNA. **Conservation Genetics,** v. 3, p. 335-340, 2002.

PATON, T. A.; BAKER, A. J. Sequences from 14 mitochondrial genes provide a well-supported phylogeny of the Charadriiform birds congruent with the nuclear RAG-1 tree. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 39, n. 3, p. 657-667, 2006.

PATON, T. A.; BAKER, A. J.; GROTH, J. G.; BARROWCLOUGH, G. F. RAG-1 sequences resolve phylogenetic relationships within charadriiform birds. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 29, p. 268-278, 2003.

PAYNTER, J. R.; TRAYLOR, J, M. **Ornithological Gazetteer of Brazil.** Cambridge, MA: Museum of Comparative Zoology, Harvard University, 1991. 352 p.

PECK, D. R.; CONGDON, B. C. Reconciling historical processes and population structure in the sooty terns, *Sterna fuscata*. **Journal of Avian Biology,** v. 35, p. 327-335, 2004.

PEDLER, R. D.; RIBOT, R. F. H.; BENNETT, A. T. D. Extreme nomadismin desert waterbirds: flights of the banded stilt. **Biology Letters,** v. 10, (doi: 10.1098/rsbl.2014.0547), 2014.

PETERS, J. L. **Check-list of birds of the World.** Volume ii. Cambridge: Harvard University Press, 1934. 401 p.

PETERS, J. L.; LAVRETSKY, P.; DA COSTA, J. M.; BIELEFELD, R. R.; FEDDERSEN, J. C.; SORENSON, M. D. Population genomic data delineate conservation units in mottled ducks (*Anas fulvigula*). **Biological Conservation,** v. 203, p. 272-281, 2016.

PETERSON, B. K.; WEBER, J. N.; KAY, E. H.; FISHER, H. S.; HOEKSTRA, H. E. Double Digest RADseq: An Inexpensive Method for De Novo SNP Discovery and Genotyping in Model and Non-Model Species. **PLoS ONE,** v. 7, n. 5, (e37135), p. 1-11, 2012.

PETIT, R. J.; MOUSADIK, A. E.; PONS, O. Identifying populations for conservation on the basis of genetic markers. **Biological Conservation,** v. 12, p. 844-855, 1998.

PIACENTINI, V. Q.; ALEIXO, A.; AGNE, C. E.; GIOVANNI, N. M.; PACHECO, J. F.; BRAVO, G. A.; BRITO, G. R. R.; NAKA L. N.; OLMOS, F.; POSSO, S.; SILVEIRA, L. F.; BETINI, G. S.; CARRANO, E.; FRANZ, I.; LEES, A. C.; PIOLI, D.; SCHUNCK, F.; AMARAL, F. R.; BENCKE, G. A.; COHN-HAFT, M.; FIGUEIREDO, L. F.; STRAUBE, F. C.; CESARI, E. Annotated checklist of the birds of Brazil by the Brazilian Ornithological Records Committee; Lista comentada das aves do Brasil pelo Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. **Revista Brasileira de Ornitologia,** v. 23, n. 2, p. 91-298, 2015.

PINTO, O. M. O. **Catálogo das aves do Brasil e lista dos exemplares que as representam no Museu Paulista.** 1ª Parte. São Paulo: Secretaria da Agricultura. Departamento de Zoologia, 1938. 566 p.

PINTO, O. M. O. Novo Catálogo das Aves do Brasil. Primeira parte. Aves não Passeriformes e Passeriformes não Oscines, com exclusão da família Tyrannidae. São Paulo: Museu de Zoologia, 1978. p. 118-119.

PINTO, O. M. O. **Ornitologia Brasiliense. Catálogo Descritivo e Ilustrado das Aves do Brasil Vol. I.** São Paulo: Secretaria da Agricultura. Departamento de Zoologia, 1964. 196 p.

POLZIN, T.; DANESCHMAND, S. V. (Network, evolutionary trees). On Steiner trees and minimum spanning trees in hypergraphs. **Operations Research Letters,** v. 31, p. 12-20, 2003.

PONS, J. M.; HASSANIN, A.; CROCHET, P. A. Phylogenetic relationships within the Laridae (Charadriiformes: Aves) inferred from mitochondrial markers. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 37, n. 3, p. 686-699, 2005.

PORRAS-HURTADO, L.; RUIZ, Y.; SANTOS, C.; PHILLIPS, C.; CARRACEDO, Á.; LAREU, M. V. An overview of STRUCTURE: applications, parameter settings, and supporting software. **Frontiers in Genetics,** v. 4, n. 98, p. 1-13, 2013.

PORTNOY, J. W. Black skimmer abundance on the Louisiana-Mississippi-Alabama coast. **The Wilson Bulletin,** v. 90, n. 3, p. 438-441, 1978.

PRANCE, G. T.; GOULDING, M. The Fishes and the Forest: Explorations in Amazonian Natural History. **Brittonia,** v, 33. n. 2, p. 257, 1981.

PRESTON, F. W. A nesting of Amazonian terns and skimmers. **The Wilson Bulletin,** v. 74, p. 286-287, 1962.

PRITCHARD, J. K.; STEPHENS, M.; DONNELLY, P. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. **Genetics,** v. 155, p. 945-959, 2000.

QUINN, J. S. Black skimmer parental defence against chick predation by gulls. **Animal Behaviour,** v. 38, n. 3, p. 534-541, 1989.

QUINN, J. S. Sexual size dimorphism and parental care patterns in a monomorphic and dimorphic larid. **Auk,** v. 107, p. 260-274, 1990.

QUINN, T. W. Molecular evolution of the mitochondrial genome: In: **Mindell, D. P. (Ed.), Avian Molecular Systematics and Evolution.** San Diego: Academic Press, 1997. p. 3-50.

RAMSDEN, C. T. *Phaetusa magnirostris* Licht. in Cuba, **Auk,** v. 29, n. 1, p. 100, 1912.

RAND, D. M.; DORFSMAN, M.; KANN, L. M. Neutral and non-neutral evolution of *Drosophila* mitochondrial DNA. **Genetics,** v. 138, n. 3, p. 741-756, 1994.

RANDI, E.; LUCCHINI, V.; HENNACHE, A.; KIMBALL, R. T.; BRAUM, E. L.; LIGON, J. D. Evolution of the mitochondrial DNA control region and cytochrome b genes and the inference of phylogenetic relationships in the avian genus *Lophura* (Galliformes). **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 19, n. 2, p. 187-201, 2001.

RANDS, M. R. W.; BONAN, A. Crab-plover (*Dromadidae*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/52237>. Acesso em: 09/07/2018.

RAPPOLE, J. **The Avian Migrant.** New York: Columbia University Press; 2013. 464 p.

RAYNOR, E. J.; PIERCE, A. R.; OWEN, T. M.; LEUMAS, C. M.; ROHWER, F. C. Short-term demographic responses of a coastal waterbird community after two major hurricanes. **Waterbirds,** v. 36, 1, p. 88-93, 2013.

RDS. Reserva de Desenvolvimento Sustentável Instituto Mamirauá. Aves recapturadas indicam que filhotes retornam adultos para praia onde nasceram. 2015. Disponível em: <https://www.mamiraua.org.br/pt-br/comunicacao/noticias/2013/12/23/aves-recapturadas-indicam-que-filhotes-retornam-adultos-para-praia-onde-nasceram>. Acesso em: 23/02/2015.

REBOITA, M. S.; GAN, M. A.; DA ROCHA, R. P.; AMBRIZZI, T. Regimes de precipitação na América do Sul: uma revisão bibliográfica. **Revista Brasileira de Meteorologia,** v. 25, n. 2, p. 185-204, 2010.

RENDAHL, H. Birds from Panama, Costa Rica and Nicaragua. **Arkiv För Zoologi,** v. 12, n. 8, p. 12, 1919.

RESENDE, S. L.; LEEUWENBERG, F. **Ecological studies of Lagoa do Peixe.** [report]. USA: World Wildlife Fund, 1987. 52 p.

RIBAS, C. C.; MIYAKI, C. Y. Molecular systematics in Aratinga parakeets: species limits and historical biogeography in the '*solstitialis*' group, and the systematic position of *Nandayus nenday*. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 30, n. 3, p. 663-75, 2004.

RIBAS, C. C.; MIYAKI, C.; CRACRAFT, J. Phylogenetic relationships, diversification and biogeography in Neotropical *Brotogeris* parakeets. **Journal of Biogeography,** v, 36, p. 1712-1729, 2009.

RICHLY, E.; LEISTER, D. NUMTs in sequenced eukaryotic genomes. **Molecular Biology and Evolution,** v. 21, n. 6, p. 1081-1084, 2004.

RIDGWAY, R. **Bulletin of the United States National Museum**. N. 50, p. 441-544, 1919.

RIDGWAY, R.; LUCAS, F. A.; KNOWLTON, F. H. **Birds of the World.** New York: Henry Holt and Company, American Nature Series, 1909. p. 393-394.

RIDLEY, M. **Evolução. A Seleção e a Deriva Genética na evolução molecular**. Porto Alegre: Artmed, 2006. p. 125-249.

RIESING, M. J.; KRUCKENHAUSER, L.; GAMAUF, A.; HARING, E. Molecular phylogeny of the genus *Buteo* (Aves: Accipitridae) based on mitochondrial marker sequences. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 27, n. 2, p. 328-342, 2003.

RITCHIE, P. A.; MILLAR, C. D.; GIBB, G. C.; BARONI, C.; LAMBERT, D. M. Ancient DNA enables timing of the Pleistocene origin and Holocene expansion of two adélie penguin lineages in Antarctica. **Molecular Biology and Evolution,** v. 21, n. 2, p. 240-248, 2004.

ROEDER, A. D.; MARSHALL, R. K.; MITCHELSON, A. J.; VISAGATHILAGAR, T.; RITCHIE, P. A.; LOVE, P. R.; PAKAI, T. J.; MCPARTLAN, C.; MURRAY, N. D. Gene flow on the ice: genetic differentiation among Adélie penguin colonies around Antarctica. **Molecular Ecology,** v. 10, p. 1645-1656, 2001.

ROGERS, A. R.; HARPENDING, H. Population growth makes waves in the distribution of pairwise genetic differences. **Molecular Biology and Evolution,** v. 9, n. 3, p. 552-569, 1992.

ROOS, F. L.; BELO, N. O.; SILVEIRA, P.; BRAGA, E. M. Prevalence and diversity of avian malaria parasites in migratory Black Skimmers (*Rynchops niger*, Laridae, Charadriiformes) from the Brazilian Amazon Basin. **Parasitology Research,** v. 114, n. 10, p. 3903-3911, 2015.

ROWE, G.; SWEET, M.; BEEBEE, T. **An Introduction to Molecular Ecology.** United Kingdom: Oxford University Press, 2017. 519 p.

ROZAS, J.; SANCHEZ-DELBARRIO, J. C.; MESSEGUER, X.; ROZAS, R. DNASP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. **Bioinformatics,** v. 19, p. 2496-2497, 2003.

SAINO, N.; CANOVA, L.; COSTANZO, A.; RUBOLINI, D.; ROULIN, A.; MØLLER, A. P. Immune and Stress Responses Covary with Melanin-Based Coloration in the Barn Swallow. **Evolutionary Biology,** v. 40, p. 521-531, 2013.

SAUNDERS, H. **Bulletins of The British Ornithologists' Club**. Nº xxv, p. 25-29, 1895.

SAUNDERS, H. **Gaviae and Tubinares in the Collection of the British Museum.** London: Printed by Order of the Trustees, 1896. p. 152-157.

SAUNDERS, H. On the Larinae or Gulls. **Proceedings of the Zoological Society of London,** v. 46, n. 1, p. 155-722, 1878.

SCHÄFFER, J. C. G. 1775. **Onomatologia Historiae Naturalis Completa oder vollständiges Lexicon das alle Benennungen der Kunstwörter der Naturgeschichte nach ihrem ganzen Umfang erkläret und den reichen Schatz der ganzen Natural**. German: Gaum, v. 6, 1775. p. 863.

SCHERER, A. L.; SCHERER, J. F. M.; PETRY, M. V.; VALIATI, H. Sexual Dimorphism, Habitat Use and Molt in Wintering Black Skimmers (*Rynchops niger*) in the Lagoa do Peixe, Southern Brazil. **Waterbirds,** v. 36, n. 4, p. 438-447, 2013.

SCHNELL, G. D.; HELLACK, J. J. Bird flight speeds in nature: optimized or a compromise?. **American Naturalist,** v. 113, n. 1, p. 53-66, 1979.

SCHWARZ, G. E. "Estimating the dimension of a model". **Annals of Statistics,** v. 6, n. 2, p. 461-464, 1978.

SCLATER, P. L.; HUDSON, W. H. A Descriptive Catalogue of Birds of the Argentine Republic. **Argentine Ornithology,** v. 2, p. 410, 1888.

SCOLARO, J. A.; LAURENTI, S.; GALLELLI, H. The nesting and breeding biology of the South American Tern in northern Patagonia. **Journal of Field Ornithology,** v. 67, n. 1, p. 17-24, 1996.

SEARS, H. F.; MOSELEY, L. J.; MUELLER, H. C. Behavioural evidence on skimemrs' relationships. **Auk,** v. 93, p. 170-174, 1976.

SEEB, J. E.; CARVALHO, G.; HAUSER, L.; NAISH, K.; ROBERTS, S.; SEEB, L. W. Single-nucleotide polymorphism (SNP) discovery and applications of SNP genotyping in nonmodel organisms. **Molecular Ecology Resources,** v. 1, p. 1-8, 2011.

SHAPIRO, L. H.; DUMBACHER, J. P. Adenylate kinase intron 5: a new nuclear locus for avian systematics. **Auk,** v. 118, p. 248-255, 2001.

SHELDON, F. H.; LOHMAN, D. J.; LIM, H. C.; ZOU, F.; GOODMAN, S. M.; PRAWIRADI-LAGA, D. M.; MOYLE, R. G. Phylogeography of the magpie Robin species complex (Aves: Turdidae: *Copsychus*) reveals a Philippine species, an interesting isolating barrier and unusual dispersal patterns inthe Indian Ocean and Southeast Asia. **Journal of Biogeography,**v. 36, p. 1070-1083, 2009.

SHORT, L. A zoogeographic analysis of the South American, Chaco avifauna. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 154, n. 3, p. 163-352, 1975.

SIBLEY, C. G.; AHLQUIST, J. E. **Phylogeny and Classification of Birds: A Study in Molecular Evolution.** New Haven: Yale University Press, 1990. 976 p.

SIBLEY, C. G.; AHLQUIST, J. E.; MONROE, B. L. J. A classification of the living birds of the world based on DNA-DNA hybridization studies. **Auk,** v. 105, p. 409-423, 1988.

SIBLEY, C. G.; MONROE, B. L. J. **Distribution and taxonomy of birds of the World.** New Haven: Yale University Press, 1990. 11360 p.

SICK, H. **Ornitologia brasileira.** 3 ed. Rio de Janeiro: Nova Fronteira, 1997. 862 p.

SILVEIRA, L. F.; D'HORTA, F. M. A Avifauna da Região de Vila Bela da Santíssima Trindade, Mato Grosso. **Papéis Avulsos de Zoologia,** v. 42, n. 10, p. 265-286, 2002.

SINGH, R. S.; HALE, L. R. Are mitochondrial DNA variants selectively non-neutral?. **Genetics,** v. 124, n. 4, p. 995-997, 1990.

SKEWGAR, E.; BOERSMA, P. D.; SIMEONE, A. Winter migration of Magellanic Penguins (*Spheniscus magellanicus*) along the southeastern Pacific. **Waterbirds,** v. 37, n. 2, p. 203-209, 2014.

SLADE, R. W. Limited MHC polymorphism in the southern elephant seal: implications for MHC evolution and marine mammal population biology. **Proceedings of the Royal Society of London,** v. 249, p. 163-171, 1992.

SLATKIN, M.; HUDSON R. R. Pairwise comparisons of mitochondrial DNA sequences in stable and exponentially growing populations. **Genetics,** v. 129, p. 555-562, 1991.

SLATKIN, M. Isolation by distance in equilibrium and nom-equilibrium populations. **Evolution,** v. 47, p. 264-279, 1993.

SLUD, P. The birds of costa rica, distribution and ecology. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 128, p. 1-10, 1964.

SMITH, A. L.; FRIESEN, V. L. Differentiation of sympatric populations of the band-rumped storm-petrel in the Galapagos Islands: an examination of genetics, morphology, and vocalizations. **Molecular Ecology,** v. 16, n. 8, p. 1593-1603, 2007.

SMITH, N. A. "Taxonomic revision and phylogenetic analysis of the flightless Mancallinae (Aves, Pan-Alcidae). **ZooKeys,** v. 91, p. 1-116, 2011.

SMITH, N. A. Evolution of body mass in the Pan-Alcidae (Aves, Charadriiformes): the effects of combining neontological and paleontological data. **Paleobiology,** v. 42, n. 1, p. 8-26, 2015.

SMITHE, F. B. **Naturalist's Color Guide.** New York: The American Museum of Natural History, 1975.

SNETHLAGE, E. Catálogo das Aves Amazônicas, contendo todas as espécies descritas e mencionadas até 1913. **Boletim do Museu Goeldi,** v. 7, p. 80, 1914.

SNIPES, K. C.; SANDERS, F. J. Black Skimmer (*Rynchops niger*) Breeding Trends in South Carolina. **Southeastern Naturalist,** v. 11, n. 3, p. 437-446, 2012.

SOMENZARI, M.; SILVEIRA, L. F.; PIACENTINI, V. Q.; REGO, M.; SCHUNCK, F.; CAVARZERE, V. Birds of an Amazonia-Cerrado ecotone in southern Pará, Brazil, and the efficiency of associating multiple methods in avifaunal inventories. **Revista Brasileira de Ornitologia,** v. 19, n. 2, p. 260-275, 2011.

SOMENZARI, M.; AMARAL, P. P.; CUETO, V. R.; GUARALDO, A. C.; JAHN, A. E.; LIMA, D. M.; LIMA, P. C.; LUGARINI, C.; MACHADO, C. C.; MARTINEZ, J.; NASCIMENTO, J. L. X.; PACHECO, J. F.; PALUDO, D.; PRESTES, N. P.; SERAFINI, P. P.; SILVEIRA, L. F.; SOUSA, A. E. B. A.; SOUSA, N. A.; SOUZA, M. A.; TELINO-JÚNIOR, W. R.; WHITNEY, B. W. An overview of migratory birds in Brazil. **Papéis Avulsos de Zoologia, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo,** v. 59, (e20185803), p. 1-66, 2018.

SORENSON, G. D.; FLEISCHER, R. C. Multiple independent transpositions of mitochondrial DNA control region sequences to the nucleus. **Proceedings of the National Academy of Sciences USA,** v. 93, p. 15239-15243, 1996.

SORENSON, M. D. Avian mtDNA primers. Boston University. 2003. Disponível em:<http://people.bu.edu/msoren/primers.html>. Acesso em: 02/02/2016.

SORENSON, M. D.; AST, J. C.; DIMCHEFF, D. E.; YURI, T.; MINDELL, D. P. Primers for a PCR based approach to mitochondrial genome sequencing in birds and other vertebrates. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 12, p. 105-114, 1999.

SORENSON, M. D.; QUINN, T. W. NUMTs: A challenge for avian systematics and population biology. **Auk,** v. 115, p. 214-221, 1998.

SPIX, J. B. Aves Aquaticae. **Avium Species Novae quas in itinere per Brasiliam annis 1817- 1820.** Tomus II, p. 80-85, (tabs: CII, CIII, CIV), 1825.

STANGEL, P. W. Just What is a Neotropical migrant?. **Partners in Flight News,** v. 2, n. 1, p. 29, 1992.

STANLEY, S. E.; HARRISON, R. G. Cytochrome b evolution in birds and mammals: an evaluation of the avian constraint hypothesis. **Molecular Biology and Evolution,** v. 16, p. 1575-1585, 1999.

STOTZ, D. F.; FITZPATRICK, J. W.; PARKER, T. A.; MOSKOVITS, D. K. **Neotropical birds: ecology and conservation.** Chicago: University of Chicago Press; 1996. 502 p.

SULLIVAN, B. L.; WOOD, C. L.; ILIFF, M. J.; BONNEY, R. E.; FINK, D., KELLING, S. 2009. eBird: a citizen-based bird observation network in the biological sciences.

Biological Conservation 142: 2282-2292. Disponível em: <https://ebird.org>. Acesso em: 23/04/2018.

SURINAMBIRDS. Birds of Surinam, Distribution map (*Rynchops niger*; *Phaetusa simplex*). 2014. Disponível em <http://www.surinambirds.com/charadriiformes>. Acesso em: 28/07/2014.

SWAISON, W. Animals in Menageries. **Long Island Historical Society,** p. 340. 1937.

SZCZYS, P.; HUGHES, C. R.; KESSELI, R. V. Novel microsatellite markers used to determine the population genetic structure of the endangered Roseate Tern, *Sterna dougallii*, in Northwest Atlantic and Western Australia. **Conservation Genetics,** v. 6, n. 3, p. 461-466, 2005.

TAJIMA, F. Statistical method for testing the neutral mutation hypothesis by DNA polymorphism. **Genetics,** v. 158, p. 1147-1155, 1989.

TAJIMA, F.; NEI, M. Estimation of evolutionary distance between nucleotide sequences. **Molecular Biology and Evolution,** v. 1, p. 269-285, 1984.

TAKAHASHI, T.; NAGATA, N.; SOTA, T. Application of RAD-based phylogenetics to complex relationships among variously related taxa in a species flock. **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 80, n. 1, p. 137-144, 2014.

TAKEKAWA, J. Y.; HEATH, S.; IVERSON, S.; GAIDET, N.; CAPPELLE, J.; DODMAN, T. Movement ecology of five Afrotropical waterfowl species from Malawi, Mali and Nigeria. **Ostrich,** v. 85, p. 155-168, 2015.

TAMURA, K.; NEI, M. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. **Molecular Biology and Evolution,** v. 10, p. 512-526, 1993.

TAYLOR, S. A.; ZAVALAGA, C. B.; LUNA-JORQUERA, G.; SIMEONE, A.; ANDERSON, D. J.; FRIESEN V. L. Panmixia and high genetic diversity in a Humboldt Current endemic, the Peruvian Booby (*Sula variegata*). **Journal of Ornithology,** v. 152, n. 3, p. 623-630, 2011a.

TAYLOR, S. A.; MACLAGAN, L.; ANDERSON, D. J.; FRIESEN, V. L. Could specialization to cold water upwelling systems influence genetic diversity and gene flow in marine organisms? A case study usingthe blue-footed booby, *Sula nebouxii*. **Journal of Biogeography,** v. 38, p. 883-893, 2011b.

TERBORGH, J. W. **Where have all the birds gone?** New Jersey: Princeton University Press, 1989. 224 p.

TERMIGNONI-GARCÍA, F.; JARAMILLO-CORREA, J. P.; CHABLÉ-SANTOS, J.; LIU, M.; SHULTZ, A. J.; EDWARDS, S. V.; ESCALANTE-PLIEGO, P. Genomic footprints of adaptation in a cooperatively breeding tropical bird across a vegetation gradiente. **Molecular Ecology,** v. 26, n. 17, 2017.

TIGANO, A.; SACKTON, T. B.; FRIESEN, V. L. Assembly and RNA-free annotation of highly heterozygous genomes: the case of the thick-billed murre (*Uria lomvia*). **Molecular Ecology Resources,** v. 18, n. 1, p. 79-90, 2018.

TOMKINS, I. R. Method of feeding of the Black Skimmer, *Rynchops nigra*. **Auk,** v. 68, n. 2, p. 236-239, 1951.

TOPP, C. M.; PRUETT, C. L.; MCCRACKEN, K. G.; WINKER, K. How migratory thrushes conquered northern North America: a comparative phylogeography approach. **PeerJ,** v. 206, p. 1-26, 2013.

TYLER, S. J. The breeding and population status of the African Skimmer *Rynchops flavirostris* in Botswana. **Ostrich,** v. 75, n. 4, p. 329-332, 2004.

VAN TUINEN, M.; WATERHOUSE, D. M.; DYKE, G. J. Avian molecular systematics on the rebound: a fresh look at modern shorebird phylogenetic relationships. **Journal of Avian Biology,** v. 35, n. 3, p. 191-194, 2004.

VANZOLINI, P. E. **A supplement to the Ornithological Gazetteer of Brazil.** São Paulo: Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, 1992. 252 p.

VIEILLOT, L. P. **Nouveau dictionnaire d'histoire naturelle**. p. 171, 1819.

VOISIN, C.; VOISIN, J. F. List of type specimens of birds in the collections of the Muséum national d'Histoire naturelle (Paris, France). Charadriiformes (Part 1: Stercorariidae, Laridae, Sternidae, Alcidae). **Journal of the National Museum (Prague), Natural History Series,** v. 180, n. 4, p. 39-56, 2011.

VUILLEUMIER, F.; EWERT, D. N. The distribution of birds in venezuelan paramos. **Bulletin of the American Museum of Natural History,** v. 162, n. 2, p. 47-90, 1978.

WAGLER, J. G. Neue Sippen und Gattungen der Säugthiere und Vögel. [Oken's]. Type of Genus *Phaetusa*. **Isis,** v. 25, p. 1218-1235, 1832.

WAGLER, J. **Sistema Avium.** Pars prima, v. 1, p. 15-17, 1827.

WALSH, H. E.; EDWARDS, S. V. Conservation genetics and pacific fisheries by catch: mitochondrial differentiation and population assignment in the Black-footed Albatrosses (*Phoebastria nigripes*). **Conservation Genetics,** v. 6, p. 289-295, 2005.

WANG. J.; CABALLERO, A. Developments in predicting the effective size of subdivided populations. **Heredity,** v. 82, p. 212-226, 1999.

WEBSTER, M. S.; MARRA, P. P. The importance of understanding migratory connectivity. In: **Greenberg, R. & Marra P. P. (Eds.), Birds of Two Worlds: The Ecology and Evolution of Temperate-Tropical Migration Systems.** Baltimore, MD: Johns Hopkins University Press. 2005. p. 199-209.

WENINK, P. W.; BAKER, A. J, RÖSNER, H-U.; TILANUS, M. G. J. Global mitochondrial DNA phylogeography of holarctic breeding dunlins (*Calidris alpina*). **Evolution,** v. 50, p. 318-330, 1996.

WENINK, P. W.; BAKER, A. J. Mitochondrial DNA lineages in composite flocks of migratory and wintering dunlins (*Calidris alpina*). **Auk,** v. 113, p. 744-756, 1996.

WETMORE, A. The Subspecific Characters and Distribution of the New World Skimmers, *Rynchops Nigra*. **Caldasia,** v. 3, n. 11, p. 111-18, 1944.

WHITE, A.; JEREMIAH, A. First record of Large-billed Tern (*Phaetusa simplex*) for Grenada and the Lesser Antilles. J. **Caribbean Ornithology,** v. 24, n. 2, p. 74-76, 2011.

WHITE, D. H.; MITCHELL, C. A.; SWINEFORD, D. M. Reproductive success of Black Skimmers in Texas relative to environmental pollutants. **Journal of Field Ornithology,** v. 55, p. 18-30, 1984.

WIKIAVES. Wiki Aves - A Enciclopédia das Aves do Brasil. 2017. Disponível em: <http://www.wikiaves.com> Acesso em: 01/12/2017.

WILLIAMS, A. J. African Skimmers breeding in the Okavango River. **Lanioturdus,** v. 22, n. 3, p. 53-54, 1986.

WILLIAMS, B.; AKERS, B.; BECK, R.; VIA, J. The 1992 colonial and beach-nesting waterbird survey of the Virginia barrier islands. **Raven,** v. 64, p. 24-29, 1993.

WINGER, B. M.; HOSNER, P. A.; BRAVO, G. A.; CUERVO, A. M.; ARISTIZÁBAL, N.; CUETO, L. E.; BATES, J. M. Inferring speciation history in the Andes with reduced-representation sequence data: an example in the bay-backed antpittas (Aves; Grallariidae; *Grallaria hypoleuca*). **Molecular Ecology,** v. 24, n. 24, p. 6256-6277, 2015.

WITHERS, P. C.; TIMKO, P. L. The significance of ground effect to the aerodynamic cost of flight and energetics of the black skimmer (*Rynchops nigra*). **Journal of Experimental Biology,** v. 70, p. 13-26, 1977.

WITZEMAN, J.; HUBBARD, J. P.; KAUFMAN, K. The nesting season. June 1-July 31, 1977. Southwest region. **American Birds,** v. 31, n. 6, p. 1171-1176, 1977.

WITZEMAN, J.; HUBBARD, J. P.; KAUFMAN, K. The Autumn Migration, Southwest Region. **American Birds,** v. 34, n. 2, p. 187-190, 1980.

WOJCZULANIS-JAKUBAS, K.; KILIKOWSKA, A.; HARDING, A. M. A.; JAKUBAS, D.; KARNOVSKY, N. J.; STEEN, H.; STRØM, H.; WELCKER, J.; GAVRILO, M.; LIFJELD, J. T.; JOHNSEN, A. Weak population genetic differentiation in the most numerous Arctic seabird, the little auk. **Polar Biology,** v. 37, p. 621-630, 2014.

WRIGHT, S. **Evolution and the Genetics of Populations. Variability within and among Natural Populations**. Chicago, IL: University of Chicago Press. 1978. 590 p.

WU, T.; NACU, S. Fast and SNP-tolerant detection of complex variants and splicing in short reads. **Bioinformatics,** v. 26, n. 7, p. 873-881, 2010.

YANCEY, M. R.; FORYS, E. Black Skimmers Feed When Light Levels are Low. **Waterbirds,** v. 33, n. 4, p. 556-559, 2010.

YEUNG, N. W.; CARLON, D. B.; CONANT, S. Testing subspecies hypothesis with molecular markers and morphometrics in the Pacific White Tern complex. **Biological Journal of the Linnean Society,** v. 98, n. 3, p. 586-595, 2009.

YOON, K. B.; CHO C. U.; PARK, Y. C. The mitochondrial genome of the Saunders's gull *Chroicocephalus saundersi* (Charadriiformes: Laridae) and a higher phylogeny of shorebirds (Charadriiformes). **GENE,** v. 572, n. 2, p. 227-236, 2015.

YOUNG, C. G. A contribution to the ornithology of the coastland of British Guiana. **Ibis,** v. 12, p. 748-781, 1928.

YOUNG, L. C. Inferring colonization history and dispersal patterns of a long-lived seabird by combining genetic and empirical data. **Journal of Zoology,** v. 281, p. 232-240, 2010.

YOUNGER, J. L.; CLUCAS, G. V.; GHARBI, K.; HART, T.; MILLER, K. J. The challenges of detecting subtle population structure and its importance for the conservation of emperor penguins. **Molecular Ecology,** v. 16, n. 15, p. 3883-3897, 2017.

YOUNGER, J. L.; CLUCAS, G. V.; KOOYMAN, G.; WIENECKE, B.; ROGERS, A. D.; TRATHAN, P. N.; HART, T.; MILLER, K. J. Too much of a good thing: sea ice extent may have forced emperor penguins into refugia during the last glacial maximum. **Global Change Biology,** v. 21, n. 6, p. 2215-2226, 2015.

ZARZA, R.; CINTRA, R.; ANCIAES, M. Distribution, Abundance and Habitat Selection by Breeding Yellow-billed Terns (*Sternula superciliaris*), Large-billed Terns (*Phaetusa simplex*) and Black Skimmers (*Rynchops niger*) in the Brazilian Amazon. **Waterbirds,** v. 36, n. 4, p. 470-481, 2013.

ZHANG, D.; HEWITT, G. M. Nuclear integrations: Challenges for mitochondrial DNA markers. **Trends in Ecology & Evolution,** v. 11, p. 247-251, 1996.

ZINK, R. M. Natural selection on mitochondrial DNA in *Parus* and its relevance for phylogeographic studies. **Proceedings of the Royal Society of London,** v. 272, p. 71-78, 2005.

ZINK, R. M.; BLACKWELL, R. C. Molecular Systematics and Biogeography of Aridland Gnatcatchers (Genus *Polioptila*) and Evidence Supporting Species Status of the California Gnatcatcher (*Polioptila californica*). **Molecular Phylogenetics and Evolution,** v. 9, n. 1, p. 26-32, 1998.

ZUSI, R. L. **Structural Adaptations of the Head and Neck in the Black Skimmer.** Cambridge, MA: Publications of the Nuttall Ornithological Club, 1962. 101 p.

ZUSI, R. L.; KIRWAN, G. M.; GARCIA, E. F. J. African Skimmer (*Rynchops flavirostris*). In: **Del Hoyo, J., Elliott, A., Sargatal, J., Christie, D. A. & de Juana, E. (Eds.), Handbook of the Birds of the World Alive,** Lynx Edicions, Barcelona, 2018. Disponível em: <https://www.hbw.com/node/54057>. Acesso em: 16/07/2018.

ZUSI, R. L. Family Rhynchopidae (skimmers). In: **Del Hoyo, J.; Elliott, A. & Sargatal, J. (Eds.), Handbook of the Birds of the World,** Lynx Edicion, Barcelona, 1996. v. 3, p. 668-677.