

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

**Arquitetura mitogenômica e relações filogenéticas na família Psittacidae:
insights a partir de uma ampla amostragem**

Lays Martins Coelho
Magister Scientiae

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2026**

LAYS MARTINS COELHO

**Arquitetura mitogenômica e relações filogenéticas na família Psittacidae:
insights a partir de uma ampla amostragem**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Rubens Pasa

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2026**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

C672a
2026
Coelho, Lays Martins, 1991-
Arquitetura mitogenômica e relações filogenéticas na
família Psittacidae: insights a partir de uma ampla amostragem /
Lays Martins Coelho. – Viçosa, MG, 2026.
1 dissertação eletrônica (68 f.): il. (algumas color.).

Orientador: Rubens Pasa.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa,
Departamento de Biologia Animal, 2026.

Referências bibliográficas: f. 59-68.

DOI: <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2026.497>

Modo de acesso: World Wide Web.

1. Psittacidae - Genética. 2. Aves. 3. Mapeamento
cromossômico. 4. Mitocôndria. I. Pasa, Rubens, 1977-.
II. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Biologia
Animal. Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal.
III. Título.

CDD 22. ed. 598.71135

LAYS MARTINS COELHO

**Arquitetura mitogenômica e relações filogenéticas na família Psittacidae:
insights a partir de uma ampla amostragem**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 12 de agosto de 2026.

Assentimento:

Lays Martins Coelho
Autora

Rubens Pasa
Orientador

Essa dissertação foi assinada digitalmente pela autora em 26/08/2026 às 14:39:46 e pelo orientador em 26/08/2026 às 15:07:29. As assinaturas têm validade legal, conforme o disposto na Medida Provisória 2.200-2/2001 e na Resolução nº 37/2012 do CONARQ. Para conferir a autenticidade, acesse <https://siadoc.ufv.br/validar-documento>. No campo 'Código de registro', informe o código **JGV3.QEUR.HCGX** e clique no botão 'Validar documento'.

Dedico este trabalho ao meu filho, Noan, por tornar cada passo da minha jornada mais significativo. Que você nunca deixe de encontrar beleza em tudo o que ainda há para descobrir.

AGRADECIMENTOS

Este trabalho foi realizado com o apoio das seguintes agências de pesquisa brasileiras: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Agradeço à minha família, por sempre caminhar ao meu lado.

Ao Rico, meu parceiro de vida há 14 anos, por compartilhar comigo essa jornada, dos dias mais simples aos mais desafiadores. Gratidão por estar sempre disposto a me ajudar, me apoiar e me lembrar todos os dias da minha capacidade, mesmo quando eu esqueço. Sua companhia tornou essa caminhada mais bonita e feliz.

Ao meu filho Noan, meu “parceirinho de tudo”, pela nossa amizade tão especial e por compartilhar comigo tantos momentos, hobbies, conversas, descobertas e risadas, tornando os dias mais leves e divertidos. “Que bom...”.

Ao meu irmão, Eduardo, por sempre me “salvar”, seja com uma pizza inesperada em um dia qualquer ou nas dificuldades do dia a dia; pela companhia, pelas conversas, momentos e hobbies compartilhados. Que nunca nos falte “Supernatural” para reassistir, bons drinks para descobrir e novos momentos para compartilhar.

À minha mãe Rosa, pelo apoio incondicional e por nunca deixar de buscar uma forma de solucionar qualquer dificuldade que surgisse, sempre fazendo o possível para que eu pudesse seguir em frente. Sua disposição em ajudar e a certeza de que sempre daríamos “um jeito” fizeram toda a diferença para que eu chegasse até aqui.

Ao professor Rubens, pela orientação, pelas oportunidades, pela confiança depositada no meu trabalho e pela autonomia que me permitiu desenvolver este trabalho de acordo com meus interesses científicos. Essa liberdade foi fundamental para o meu crescimento acadêmico e profissional.

À professora Karine, por todo o incentivo, disponibilidade e apoio ao longo da minha trajetória, desde a graduação. Grata por todos os ensinamentos, pelas oportunidades proporcionadas e por aceitar compor a banca de defesa deste trabalho.

Ao Iuri, por toda a disponibilidade em compartilhar seus conhecimentos desde meus primeiros contatos com a bioinformática, sempre disposto a ensinar, esclarecer dúvidas e contribuir para meu aprendizado. Grata também por me lembrar que cada trajetória tem seu próprio tempo.

Ao Dr. Francisco Sassi, à professora Dra. Caroline Garcia e ao professor Dr.

Fabiano Menegidio, por aceitarem o convite para compor a banca de defesa e por disponibilizarem seu tempo e conhecimento para contribuir com o aprimoramento deste trabalho.

Aos demais professores que contribuíram para minha formação durante o mestrado e ao Programa de Pós-Graduação em Biologia Animal, pelos conhecimentos compartilhados e por todas as oportunidades de aprendizado.

Ao Laboratório de Genética Ecológica e Evolutiva (LaGEEvo) e aos colegas, pelas oportunidades de aprendizado e pela convivência sempre enriquecedora. Gratidão por proporcionarem um ambiente de autonomia e crescimento.

"Há uma grandiosidade inerente a esta visão da vida [...] a partir de um princípio tão simples, foram desenvolvidas, e continuam a desenvolver-se, infinitas formas do mais belo e maravilhoso que há."

Charles Darwin, *A origem das espécies*

RESUMO

COELHO, Lays Martins, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, agosto de 2026.
Arquitetura mitogenômica e relações filogenéticas na família Psittacidae: insights a partir de uma ampla amostragem. Orientador: Rubens Pasa.

A família Psittacidae apresenta elevada diversidade taxonômica, porém a disponibilidade limitada de genomas mitocondriais completos restringe investigações sobre a evolução da arquitetura mitogenômica e as relações filogenéticas do grupo. Neste estudo, ampliamos a cobertura mitogenômica da família por meio da montagem e anotação de genomas mitocondriais completos obtidos a partir de bibliotecas públicas de DNA-seq disponíveis no Sequence Read Archive (SRA), posteriormente integrados aos mitogenomas previamente depositados no GenBank. Foram montados e anotados os mitogenomas de 90 espécies, representando um incremento de aproximadamente 51% na cobertura mitogenômica da família. As análises estruturais identificaram oito padrões distintos de rearranjos gênicos, caracterizados principalmente por duplicações da região controle (CR) e do bloco gênico trnP–ND6–trnE, além da recorrente mutação frameshift no gene ND3 (ND3-174). A inferência filogenética, baseada no conjunto concatenado dos 12 genes codificadores de proteínas mitocondriais, recuperou com elevado suporte as principais relações entre as subfamílias e tribos de Psittacidae, corroborando hipóteses filogenéticas recentes e permitindo identificar posicionamentos incongruentes de algumas amostras, posteriormente sustentados por análises BLAST como indícios de erros de identificação em bibliotecas públicas. Os resultados ampliam substancialmente a disponibilidade de dados mitogenômicos para Psittacidae, fornecem novos subsídios para a compreensão da evolução estrutural dos mitogenomas da família e reforçam a relevância da utilização de dados públicos como estratégia para estudos genômicos, filogenéticos e evolutivos.

Palavras-chave: evolução molecular; filogenômica; genoma mitocondrial; rearranjos gênicos

ABSTRACT

COELHO, Lays Martins, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, August, 2026.
Mitogenomic architecture and phylogenetic relationships in the family Psittacidae: insights from extensive sampling. Adviser: Rubens Pasa.

The family Psittacidae exhibits high taxonomic diversity; however, the limited availability of complete mitochondrial genomes restricts investigations into the evolution of mitogenomic architecture and the group's phylogenetic relationships. In this study, we expanded the family's mitogenomic coverage by assembling and annotating complete mitochondrial genomes from public DNA-seq libraries in the Sequence Read Archive (SRA) and integrating them with mitogenomes previously deposited in GenBank. We assembled and annotated mitogenomes for 90 species, representing approximately a 51% increase in the family's mitogenomic coverage. Structural analyses identified eight distinct gene rearrangement patterns, characterized primarily by duplications of the control region (CR) and the trnP–ND6–trnE gene block, as well as a recurrent frameshift mutation in the ND3 gene (ND3-174). Phylogenetic inference, based on a concatenated dataset of 12 mitochondrial protein-coding genes, recovered the main relationships among Psittacidae subfamilies and tribes with strong support; this corroborated recent phylogenetic hypotheses and identified incongruent placements for certain samples subsequently supported by BLAST analyses as evidence of misidentification in public libraries. These results substantially expand the availability of mitogenomic data for Psittacidae, provide new insights into the structural evolution of the family's mitogenomes, and reinforce the value of using public data for genomic, phylogenetic, and evolutionary studies.

Keywords: molecular evolution ; phylogenomics; mitochondrial genome; gene rearrangements

SUMÁRIO

1. Introdução.....	10
2. Material e Método.....	13
2.1. Obtenção de mitogenomas publicados e de bibliotecas de DNA-seq.....	13
2.2. Montagem de mitogenomas.....	18
2.3. Anotação dos mitogenomas circularizados.....	19
2.4. Inferência Filogenética.....	19
2.5. Análise de sequências divergentes e de rearranjos.....	20
3. Resultados.....	20
3.1. Montagem e anotação.....	20
3.1.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini.....	33
3.1.2. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini.....	34
3.1.3. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini.....	35
3.1.4. Subfamília Arinae- Tribo Forpini.....	36
3.1.5. Subfamília Psittacinae.....	36
3.2. Inferência filogenética e análise de sequências divergentes.....	37
3.2.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini.....	39
3.2.2. Subfamília Arinae- Tribos Forpini.....	42
3.2.3. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini.....	43
3.2.4. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini.....	45
3.2.5. Subfamília Psittacinae.....	46
4. Discussão.....	46
4.1. Mitogenomas e rearranjos gênicos.....	46
4.2. Inferência filogenética.....	49
4.2.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini.....	49
4.2.2. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini.....	52
4.2.3. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini.....	53
4.2.4. Subfamília Arinae- Tribo Forpini.....	54
4.2.5. Subfamília Psittacinae.....	56
5. Conclusão.....	56
Referências.....	59

1. Introdução

A família Psittacidae, pertencente à ordem Psittaciformes, apresenta ampla distribuição nas regiões tropicais da África e das Américas, com ocorrências também na Patagônia Andina (Winkler et al. 2020). Atualmente, são reconhecidas 390 espécies de Psittaciformes, das quais 175 pertencem à família Psittacidae, distribuídas em 37 gêneros (Winkler et al. 2020; Pacheco et al. 2021), correspondendo a aproximadamente 45% da riqueza da ordem. Trata-se da família mais diversa de Psittaciformes, estruturada em duas linhagens, a neotropical e a africana, cuja divergência é estimada em aproximadamente 30 milhões de anos (Sangster et al. 2023a; Smith et al. 2024).

Na região africana, os representantes de Psittacidae estão agrupados na subfamília Psittacinae, composta por dois gêneros, *Psittacus* e *Poicephalus*, totalizando 12 espécies. O gênero *Psittacus* tem menor diversidade e compreende duas espécies, enquanto que *Poicephalus* apresenta, além de maior diversidade taxonômica, grande diversidade morfológica e ampla distribuição no continente Africano (Urantówka et al. 2017a; Sarker et al. 2018; Smith et al. 2024).

Na região Neotropical, esses representantes são agrupados na subfamília Arinae, um clado monofilético caracterizado por elevada diversidade morfológica e riqueza de espécies, cuja distribuição se estende pela América do Sul e Central (Sarker et al. 2018; Winkler et al. 2020; Sangster et al. 2023a; Smith et al. 2024). Arinae compreende 163 espécies subdivididas nas tribos Arini, Androglossini, Amoropsittacini, Forpini, Brotogerini e Touitini, sendo as duas últimas propostas recentemente com base em evidências moleculares (Sangster et al. 2023a; Smith et al. 2024).

A tribo Arini, com 19 gêneros e 78 táxons, é a mais rica em espécies dentro da subfamília Arinae, entretanto, a riqueza apresenta grande discrepância entre os gêneros (Smith et al. 2024). Baseando-se em características morfológicas, o clado é historicamente subdividido em dois grupos: as Araras e os Conures (Urantowka et al. 2017a). Apesar da grande riqueza de espécies, 32% dos táxons encontram-se classificados em algum grau de ameaça e 63% apresentam tendência de declínio populacional (IUCN 2021).

A tribo Androglossini é a segunda mais rica da subfamília, com oito gêneros e 52 espécies. Cerca de 35% de seus táxons encontram-se classificados em algum

grau de ameaça, enquanto 83% apresentam tendência de declínio populacional (IUCN 2025). Há divergências quanto à denominação da tribo, com propostas de substituição por “Amazonini”. Estudos recentes baseados em elementos ultra conservados (UCE) evidenciaram divergência significativa entre os gêneros *Brotogeris* e *Myiopsitta* e os demais representantes tradicionalmente incluídos em Androglossini, resultando na delimitação da tribo Brotogerini (Smith et al. 2024).

Brotogerini compreende o gênero *Brotogeris*, com oito espécies, e o monotípico *Myiopsitta*, representado por *Myiopsitta monachus*. Embora *Myiopsitta fuchsi* tenha sido proposta como espécie distinta (Smith et al. 2024), sua classificação como subespécie de *M. monachus* é amplamente aceita (Burgio et al. 2020). A tribo ocorre desde a América Central até o sul da América do Sul (Smith et al. 2024) e apresenta elevada proporção de espécies em declínio populacional (89%), incluindo uma espécie classificada como vulnerável (IUCN 2025).

A tribo Amoropsittacini abriga espécies de pequeno porte e plumagem predominantemente verde, cuja composição taxonômica tem sido alvo de debate recente. Parte da literatura propõe a substituição de Amoropsittacini por “Touitini”, incluindo *Touit*, *Bolborhynchus*, *Nannopsittaca* e *Psilopsiagon* em um único grupo. Alternativamente, estudos recentes defendem a segregação de *Touit* em uma tribo exclusiva, Touitini, mantendo Amoropsittacini composta pelos outros três gêneros. Essa proposta é sustentada por estimativas de divergência de aproximadamente 21 milhões de anos entre *Touit* e o clado contendo *Bolborhynchus*, *Nannopsittaca* e *Psilopsiagon*, inferidas a partir de análises de UCE (Sangster et al. 2023b; Smith et al. 2024). Embora apenas uma espécie em Amoropsittacini esteja formalmente ameaçada, 57% do grupo apresenta declínio populacional. Em Touitini, todo o grupo apresenta tendência de declínio (IUCN 2025).

A tribo Forpini é composta exclusivamente pelo gênero *Forpus*, com nove espécies distribuídas do México à Argentina, havendo registro fóssil para a região das Bahamas (Smith et al. 2024). O grupo apresenta considerável diversidade morfológica, sendo apenas quatro espécies monotípicas (Collar et al. 2020c, 2024; Collar and Boesman 2023a; Chan et al. 2024). A predominância histórica de classificações baseadas em caracteres fenéticos contribuiu para divergências quanto ao reconhecimento de espécies e subespécies (Bocalini and Silveira 2015; Smith et al. 2024). Atualmente, uma espécie é classificada como vulnerável e 78% apresentam tendência de declínio populacional (IUCN 2025).

Dentro da grande diversidade da família Psittacidae, existem inconsistências quanto às relações filogenéticas e à posição de alguns táxons, principalmente porque historicamente as classificações da família se baseiam em características fenéticas (Bocalini and Silveira 2015; Smith et al. 2024). Apesar dos avanços recentes na área da biologia molecular, estudos visando a elucidação dessas questões são apresentados na literatura com resultados divergentes a depender do conjunto de dados e metodologia utilizadas (Smith et al. 2023a, 2024), entretanto, dados moleculares são documentados como sendo complementares na resolução de divergências taxonômicas e filogenéticas (Remsen et al. 2013; Smith et al. 2023a, 2024). E ainda, estudos prévios reforçam a necessidade de dados moleculares mais abrangentes para inferências filogenéticas mais precisas (Smith et al. 2023a, 2024).

Nesse contexto, genomas mitocondriais completos ou seus genes codificadores de proteínas (PCGs) têm sido amplamente empregados em análises filogenéticas, devido às suas altas taxas evolutivas, herança materna e ausência de recombinação (Wang et al. 2018; Hernández-Fernández and Otálora 2018; Cui et al. 2020). Apesar disso, a disponibilidade de mitogenomas completos para espécies de Psittacidae no repositório público Genbank (NCBI) ainda é limitada, dificultando análises comparativas e inferências filogenéticas mais robustas. Em contrapartida, existe ampla disponibilidade de bibliotecas de sequências de DNA (DNA-seq) destas espécies, no também repositório público Sequence Read Archive (SRA), para montagem e anotação de mitogenomas (Soares et al. 2016; Hanna et al. 2017; Coelho et al. 2025). A ausência de dados moleculares e de estudos filogenéticos precisos sobre as espécies limita a compreensão das relações evolutivas e da história natural dos psitacídeos e dificulta a caracterização dos grupos dentro da família Psittacidae (Smith et al. 2024).

Diante desse cenário, o presente estudo teve como objetivo ampliar a cobertura mitogenômica da família Psittacidae, por meio da montagem e anotação de genomas mitocondriais completos a partir de bibliotecas de DNA-seq disponíveis no SRA, integrando-os aos mitogenomas já disponíveis no GenBank. Adicionalmente, a partir das sequências concatenadas dos 13 genes codificadores de proteínas (PCGs), inferir as relações filogenéticas entre esses táxons, analisar suas características estruturais e evolutivas e contribuir para a resolução de

incertezas filogenéticas persistentes dentro da família Psittacidae, fornecendo base molecular consistente para o entendimento de sua história evolutiva e conservação.

2. Material e Método

2.1. Obtenção de mitogenomas publicados e de bibliotecas de DNA-seq

Os genomas mitocondriais completos já publicados das espécies de Psittacidae foram identificados e obtidos no GenBank, assim como, os mitogenomas das espécies do grupo externo, *Nestor notabilis* e *Cacatua goffiniana* (Tabela 1), necessário à inferência filogenética. Obtivemos ainda no SRA, bibliotecas de DNA-seq das espécies sem mitogenomas completos publicados (Tabela 2).

Tabela 1: Acessos do NCBI de genomas mitocondriais já publicados de Psittacidae e grupo externo. Dados sem referência compreendem deposições sem publicação científica identificada.

Subfamília Arinae			
Espécie	Tribo	Número de acesso	Referência
<i>Anodorhynchus hyacinthinus</i>	Arini	OR209186.1	-
<i>Ara ambiguus</i>	Arini	OR209187.1	-
<i>Ara ararauna</i>	Arini	KF010315.1	(Urantowka et al. 2018a)
<i>Ara chloroptera</i>	Arini	PQ167822.1	-
<i>Ara glaucogularis</i>	Arini	JQ782215.1	(Urantowka et al. 2017b)
<i>Ara macao</i>	Arini	PQ167823.1	-
<i>Ara militaris</i>	Arini	PQ436348	-
<i>Ara rubrogenys</i>	Arini	PQ436350	-
<i>Ara severa</i>	Arini	KF946546.1	(Urantówka et al. 2017b)
<i>Aratinga solstitialis</i>	Arini	NC_026039.1	(Urantowka et al. 2016d)
<i>Aratinga maculata</i>	Arini	OR209188.1	-
<i>Aratinga nenday</i>	Arini	NC_045371.1	(Liu et al. 2019a)
<i>Cyanopsitta spixii</i>	Arini	PX396083	(Coelho et al. 2025)
<i>Derophtus accipitrinus</i>	Arini	KM611476.1	(Eberhard and Wright 2016a)
<i>Diopsittaca nobilis</i>	Arini	MT740319.1	(Liu et al. 2021)
<i>Eupsittula pertinax</i>	Arini	HM640208.1	(Pacheco et al. 2011a)
<i>Guaruba guarouba</i>	Arini	NC_026031.1	(Urantówka et al. 2017f)

<i>Orthopsittaca manilata</i>	Arini	KJ579139.1	(Urantowka 2016a)
<i>Pionites leucogaster</i>	Arini	MK759905.1	(Liu et al. 2019b)
<i>Primolius couloni</i>	Arini	KF836419.1	(Urantowka 2016b)
<i>Primolius maracana</i>	Arini	KJ562357.1	(Urantowka and Mackiewicz 2017)
<i>Psittacara holochlorus</i>	Arini	OR209189.1	-
<i>Psittacara brevipes</i>	Arini	KC936100.1	(Urantowka et al. 2014a)
<i>Psittacara rubritorquis</i>	Arini	JX524614.1	(Urantowka et al. 2016a)
<i>Psittacara mitratus</i>	Arini	JX215256	(Urantowka et al. 2016b)
<i>Psittacara leucophthalmus</i>	Arini	KF444466.1	(Urantówka and Mackiewicz 2016a)
<i>Pyrrhura cruentata</i>	Arini	ON059971.1	-
<i>Pyrrhura frontalis</i>	Arini	ON122995.1	-
<i>Pyrrhura perlata</i>	Arini	ON098136.1	-
<i>Pyrrhura lepida</i>	Arini	ON122999.1	-
<i>Pyrrhura molinae</i>	Arini	ON123001.1	-
<i>Pyrrhura picta</i>	Arini	ON123004.1	-
<i>Pyrrhura amazonum</i>	Arini	ON098132.1	-
<i>Pyrrhura griseipectus</i>	Arini	ON122996.1	-
<i>Pyrrhura egregia</i>	Arini	ON098133.1	-
<i>Pyrrhura melanura</i>	Arini	ON123000.1	-
<i>Pyrrhura orcesi</i>	Arini	ON123002.1	-
<i>Pyrrhura rupicola</i>	Arini	KF751801.1	(Urantowka et al. 2016c)
<i>Pyrrhura albipectus</i>	Arini	ON098135.1	-
<i>Pyrrhura hoematotis</i>	Arini	ON122997.1	-
<i>Pyrrhura hoffmanni</i>	Arini	ON122998.1	-
<i>Rhynchopsitta pachyrhyncha</i>	Arini	OR209192.1	-
<i>Rhynchopsitta terrisi</i>	Arini	KF010318.1	(Urantowka et al. 2014b)
<i>Thectocercus acuticaudatus</i>	Arini	JQ782214.1	(Urantowka et al. 2013a)
<i>Amazona vinacea</i>	Androglossini	OR063930.1	-
<i>Amazona auropalliata</i>	Androglossini	MW151697.1	-
<i>Amazona ochrocephala</i>	Androglossini	KM611467.1	Eberhard and Wright 2016
<i>Amazona barbadensis</i>	Androglossini	JX524615.1	(Urantowka et al. 2013b)
<i>Amazona aestiva</i>	Androglossini	KT361659.1	(Lima et al. 2018)
<i>Amazona guildingii</i>	Androglossini	MN356210.1	-
<i>Pionus menstruus</i>	Androglossini	KX925978.1	(Urantówka and Mackiewicz 2016b)

<i>Pionus chalcopterus</i>	Androglossini	MF784450.1	(Urantówka et al. 2017c)
<i>Brotogeris cyanoptera</i>	Brotogerini	HM627323.1	(Pacheco et al. 2011b)
<i>Myiopsitta monachus</i>	Brotogerini	KM611471.1	(Eberhard and Wright 2016a)
<i>Forpus passerinus</i>	Forpini	KM611470.1	(Eberhard and Wright 2016a)
Subfamília Psittacinae			
Espécie	Tribo	Número de acesso	Referência
<i>Psittacus erithacus</i>	-	KM611474.1	Eberhard and Wright 2016
<i>Poicephalus gulielmi</i>	-	MF977813.1	(Urantówka et al. 2017d)
<i>Poicephalus senegalus</i>	-	NC_044083.1	-
Família Strigopidae			
Espécie	Tribo	Número de acesso	Referência
<i>Nestor notabilis</i>	-	MH133967.1	(Urantowka et al. 2018a)
Família Cacatuidae			
Espécie	Tribo	Número de acesso	Referência
<i>Cacatua goffiniana</i>	-	MT920477.1	(Kim et al. 2021)

Tabela 2 Acessos do NCBI das bibliotecas utilizadas para montagem dos mitogenomas de Psittacidae. Dados sem referência compreendem deposições sem publicação científica identificada.

Subfamília Arinae			
Espécie	Tribo	SRA	Referência
<i>Anodorhynchus leari</i>	Arini	SRR13483947	(Smith et al. 2023a)
<i>Anodorhynchus glaucus</i>	Arini	SRR13483948	(Smith et al. 2023a)
<i>Aratinga jandaya</i>	Arini	SRR13753093	(Hains et al. 2022)
<i>Aratinga auricapillus</i>	Arini	SRR16761984	(Hains et al. 2022)
<i>Aratinga weddellii</i>	Arini	SRR7533333	(Hains et al. 2022)
<i>Cyanoliseus patagonus</i>	Arini	SRR21034925	(Hains et al. 2022)
<i>Deropterus accipitrinus</i>	Arini	SRR13483884	(Smith et al. 2023a)
<i>Enicognathus leptorhynchus</i>	Arini	SRR23997490	-
<i>Enicognathus ferrugineus</i>	Arini	SRR23710438	-

<i>Eupsittula aurea</i>	Arini	SRR16904997	(Hains et al. 2022)
<i>Eupsittula cactorum</i>	Arini	SRR16642660	(Hains et al. 2022)
<i>Eupsittula canicularis</i>	Arini	SRR13753100	(Hains et al. 2022)
<i>Eupsittula nana</i>	Arini	SRR16216124	(Hains et al. 2022)
<i>Leptosittaca branickii</i>	Arini	SRR13483843	(Smith et al. 2023a)
<i>Primolius auricollis</i>	Arini	SRR21023726	(Hains et al. 2022)
<i>Psittacara wagleri</i>	Arini	SRR16762203	(Hains et al. 2022)
<i>Psittacara frontatus</i>	Arini	SRR13483696	(Smith et al. 2023a)
<i>Psittacara erythrogenys</i>	Arini	SRR23998337	-
<i>Psittacara finschi</i>	Arini	SRR13483703	(Smith et al. 2023a)
<i>Psittacara euops</i>	Arini	SRR13483892	(Smith et al. 2023a)
<i>Psittacara chloropterus</i>	Arini	SRR16643060	(Hains et al. 2022)
<i>Pyrrhura devillei</i>	Arini	SRR24582420	-
<i>Pyrrhura emma</i>	Arini	SRR23337487	-
<i>Pyrrhura lucianii</i>	Arini	SRR16217961	-
<i>Pyrrhura roseifrons</i>	Arini	SRR14581119	(Hains et al. 2022)
<i>Pyrrhura leucotis</i>	Arini	SRR23337568	-
<i>Pyrrhura pfrimeri</i>	Arini	SRR23337453	-
<i>Pyrrhura viridicata</i>	Arini	SRR23335816	-
<i>Pyrrhura rhodocorypha</i>	Arini	SRR23337607	-
<i>Conuropsis carolinensis</i>	Arini	SRR21023482	(Hains et al. 2022)
<i>Alipiopsitta xanthops</i>	Androglossini	SRR25665165	-
<i>Amazona festiva</i>	Androglossini	SRR23707412	-
<i>Amazona tucumana</i>	Androglossini	SRR24580995	-
<i>Amazona finschi</i>	Androglossini	SRR23707377	-
<i>Amazona autumnalis</i>	Androglossini	SRR13483650	(Smith et al. 2023a)
<i>Amazona dufresniana</i>	Androglossini	SRR13483697	(Smith et al. 2023a)
<i>Amazona rhodocorytha</i>	Androglossini	SRR23707438	-
<i>Amazona arausiaca</i>	Androglossini	SRR24581160	-
<i>Amazona oratrix</i>	Androglossini	SRR23707224	-
<i>Amazona albifrons</i>	Androglossini	SRR13483752	(Smith et al. 2023a)
<i>Amazona xantholara</i>	Androglossini	SRR25665016	-
<i>Amazona leucocephala</i>	Androglossini	SRR23024080	-
<i>Amazona kawalli</i>	Androglossini	SRR13483648	(Smith et al. 2023a)
<i>Amazona mercenarius</i>	Androglossini	SRR24581082	-

<i>Graydidascalus brachyurus</i>	Androglossini	SRR13483858	(Smith et al. 2023a)
<i>Hapalopsittaca amazonina</i>	Androglossini	SRR13483854	(Smith et al. 2023a)
<i>Hapalopsittaca pyrrhops</i>	Androglossini	SRR13483854	(Smith et al. 2023a)
<i>Hapalopsittaca melanotis</i>	Androglossini	SRR13483855	(Smith et al. 2023a)
<i>Pionus fuscus</i>	Androglossini	SRR23710384	-
<i>Pionus sordidus</i>	Androglossini	SRR13483762	(Smith et al. 2023a)
<i>Pionus maximiliani</i>	Androglossini	SRR14197500	(Hains et al. 2022)
<i>Pionus tumultuosus</i>	Androglossini	SRR13483761	(Smith et al. 2023a)
<i>Pionus senilis</i>	Androglossini	SRR7535937	-
<i>Pyrilia haematotis</i>	Androglossini	SRR13483691	(Smith et al. 2023a)
<i>Pyrilia barrabandi</i>	Androglossini	SRR13483693	(Smith et al. 2023a)
<i>Pyrilia caica</i>	Androglossini	SRR13483692	(Smith et al. 2023a)
<i>Pyrilia aurantiocephala</i>	Androglossini	SRR13483809	(Smith et al. 2023a)
<i>Pyrilia vulturina</i>	Androglossini	SRR13483781	(Smith et al. 2023a)
<i>Brotogeris sanctithomae</i>	Brotogerini	SRR13483921	(Smith et al. 2023a)
<i>Brotogeris tirica</i>	Brotogerini	SRR25665017	-
<i>Brotogeris versicolurus</i>	Brotogerini	SRR13483918	(Smith et al. 2023a)
<i>Brotogeris chiriri</i>	Brotogerini	SRR13483924	(Smith et al. 2023a)
<i>Brotogeris pyrrhoptera</i>	Brotogerini	SRR28963962	-
<i>Brotogeris jugularis</i>	Brotogerini	SRR13483923	(Smith et al. 2023a)
<i>Brotogeris chrysoptera</i>	Brotogerini	SRR13483933	(Smith et al. 2023a)
<i>Bolborhynchus lineola a</i>	Amoropsittacini	SRR21034921	(Hains et al. 2022)
<i>Bolborhynchus lineola b</i>	Amoropsittacini	SRR13483928	(Smith et al. 2023a)
<i>Bolborhynchus orbygnesi</i>	Amoropsittacini	SRR13483926	(Smith et al. 2023a)
<i>Nannopsittaca panychlora</i>	Amoropsittacini	SRR13483824	(Smith et al. 2023a)
<i>Nannopsittaca dachilleae</i>	Amoropsittacini	SRR13483826	(Smith et al. 2023a)
<i>Psilopsiagon aymara</i>	Amoropsittacini	SRR13483706	(Smith et al. 2023a)
<i>Psilopsiagon aurifrons</i>	Amoropsittacini	SRR13483707	(Smith et al. 2023a)
<i>Touit batavicus</i>	Touitini	SRR13483685	(Smith et al. 2023a)
<i>Touit huetii</i>	Touitini	SRR13483679	(Smith et al. 2023a)
<i>Touit dilectissimus</i>	Touitini	SRR13483680	(Smith et al. 2023a)
<i>Touit purpuratus</i>	Touitini	SRR13483678	(Smith et al. 2023a)

<i>Touit stictopterus</i>	Touitini	SRR13483677	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus modestus a</i>	Forpini	SRR24581606	-
<i>Forpus modestus b</i>	Forpini	SRR13483869	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus cyanopygius</i>	Forpini	SRR24581689	-
<i>Forpus spengeli</i>	Forpini	SRR25667516	-
<i>Forpus crassirostris</i>	Forpini	SRR13483871	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus xanthopterygius</i>	Forpini	SRR13483864	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus conspicillatus a</i>	Forpini	SRR24581152	-
<i>Forpus conspicillatus b</i>	Forpini	SRR13483866	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus coelestis</i>	Forpini	SRR13483872	(Smith et al. 2023a)
<i>Forpus xanthops</i>	Forpini	SRR13483868	(Smith et al. 2023a)

Subfamília Psittacinae

Espécie	Tribo	SRA	Referência
<i>Psittacus timneh a</i>	-	SRR9613699	(Hains et al. 2022)
<i>Psittacus timneh b</i>	-	SRR9614207	(Hains et al. 2022)
<i>Poicephalus flavifrons</i>	-	SRR23712641	-
<i>Poicephalus robustus a</i>	-	SRR16904278	(Hains et al. 2022)
<i>Poicephalus robustus b</i>	-	SRR13483642	(Smith et al. 2023b)
<i>Poicephalus meyeri</i>	-	SRR13024104	(Hains et al. 2022)
<i>Poicephalus rueppellii</i>	-	SRR23998214	-
<i>Poicephalus cryptoxanthus</i>	-	SRR16904301	(Hains et al. 2022)
<i>Poicephalus rufiventris</i>	-	SRR16687837	(Hains et al. 2022)

2.2. Montagem de mitogenomas

As bibliotecas de DNA-seq foram importadas para a plataforma Galaxy Europe (<https://usegalaxy.eu/>) e utilizadas para a montagem dos genomas mitocondriais completos. Realizamos as montagens com a ferramenta GetOrganelle v. 1.7.7.0 (Jin et al. 2020), por meio de abordagem de *novo*, empregando o banco de referência para mitocondriais animais (-F animal_mt), número máximo de rodadas de extensão (-R) igual a 30 e os valores de k-mer utilizados pelo SPAdes (-k 21, 55, 85, 115). Os demais parâmetros foram mantidos em sua configuração padrão.

Para os genomas mitocondriais não montados com sucesso no GetOrganelle, utilizamos a ferramenta NOVOPlasty v. 4.3.1 (Dierckxsens et al. 2016) na mesma plataforma, a qual utiliza a mesma abordagem *de novo*, guiada por uma sequência (seed). Esta sequência corresponde a um gene mitocondrial conservado, responsável por orientar a extensão das leituras até a montagem completa do mitogenoma. As montagens nesta ferramenta foram conduzidas utilizando a opção *Mitochondrial assembly* e inicialmente foram realizadas utilizando *k-mer* igual a 23. Nos casos sem sucesso na montagem completa, foram testados sucessivamente os valores de *k-mer* 39 e 45. Mantivemos os demais parâmetros em seus valores padrão.

2.3. Anotação dos mitogenomas circularizados

Inicialmente, conduzimos um teste com as ferramentas de anotação MitoZ v.3.6 (Meng et al. 2019) e MITOS2 v.2.1.3 (Donath et al. 2019), a fim de se identificar a ferramenta que melhor atenda às particularidades dos mitogenomas estudados. Identificamos após a anotação, uma fragmentação do gene da NADH Desidrogenase subunidade 3 (*ND3*) associada à MITOS2. Sendo assim, priorizamos para a anotação dos genomas mitocondriais resultantes da montagem, a utilização da ferramenta MitoZ, sob a opção -clade Chordata. Entretanto, para os genomas que não puderam ser anotados com sucesso pelo MitoZ, utilizamos a ferramenta MITOS2, disponível na plataforma Galaxy Europe, empregando as configurações padronizadas para genoma animal, sob a opção de código genético de vertebrados (Vertebrate (2)) e dados de referência animal (RefSeq63 Metazoa).

2.4. Inferência Filogenética

Para a inferência filogenética, separamos por meio de script próprio, as sequências dos 13 PCGs das espécies estudadas, em arquivos fasta individuais para cada PCG. Alinhamos as sequências individualmente por conjunto de dados de PCG usando o software MEGA 11 (Tamura et al. 2021) pelo algoritmo *MUSCLE*. Concatenamos e particionamos por gene os alinhamentos, usando a ferramenta Concatenator v.0.2.1 (Vences et al. 2022). A inferência filogenética foi realizada utilizando o método de máxima verossimilhança (ML) no IQ-TREE v2.2.2.6 (Minh et al. 2020). Para testar o suporte das ramificações, utilizamos Bootstrap Ultrafast

(UFBoot) (Minh et al. 2013) com 10.000 réplicas. O teste do modelo evolutivo e seleção automática do modelo mais apropriado para cada partição, foi feito usando o parâmetro MFP + MERGE (-m). A árvore resultante foi visualizada e enraizada na ferramenta online iTOL v6 (Letunic and Bork 2021) e editada no software Inkscape v.1.4.3 (<https://inkscape.org/>). Considerando os resultados filogenéticos obtidos, as sequências dos PCGs de cada espécie foram analisadas, indicando a necessidade da realização de uma nova inferência filogenética, que foi conduzida utilizando 12 PCGs, com a exclusão do gene *ND6*.

2.5. Análise de sequências divergentes e de rearranjos

A ferramenta Nucleotide Blast (Camacho et al. 2009) do NCBI foi utilizada para comparar os mitogenomas completos de espécies cuja posição na árvore filogenética divergiu do esperado. Para tal, a sequência do mitogenoma analisado foi importada para a ferramenta online e utilizada para buscar sequências altamente semelhantes na coleção de nucleotídeos do banco de dados padrão do NCBI.

Todos os genomas mitocondriais anotados foram analisados visando identificar rearranjos gênicos e compará-los com grupos próximos e com rearranjos já descritos. Analisamos a composição e ordem gênica e verificamos possíveis duplicações. As representações lineares da organização gênica foram elaboradas por meio da ferramenta online OGDRAW (Greiner et al. 2019) e editadas no software Inkscape v.1.4.3.

3. Resultados

3.1. Montagem e anotação

Montamos 96 genomas mitocondriais de 91 espécies de Psittacidae, neotropicais e africanos (Tabela 3), o que representa um acréscimo de aproximadamente 52% na cobertura mitogenômica da família. Esse incremento amplia a disponibilidade de dados moleculares para a família, reduzindo lacunas na representação mitogenômica e fornecendo uma base mais abrangente para estudos de diversidade genética, sistemática e evolução, com potencial para subsidiar pesquisas sobre a biodiversidade de Psittacidae.

Em praticamente todos os mitogenomas, identificamos o conjunto típico de genes mitocondriais, compreendendo 13 PCGs, dois rRNA e 22 tRNA, além da região controle (CR) (Urantówka et al. 2020a). No entanto, embora a composição

gênica tenha sido conservada, o arranjo estrutural dos mitogenomas variou entre os grupos analisados, com a presença recorrente de duplicações (Fig. 2). Identificamos oito rearranjos gênicos distintos dentro da família Psittacidae. Observamos ainda, uma inserção de nucleotídeo único na posição 174 do gene *ND3* (*ND3-174*), em quase todos os mitogenomas montados e anotados, com exceção de *Touit purpuratus*, *Pionus sordidus*, *Psilopsiagon aurifrons* e *Touit purpuratus*. As bases inseridas variaram em citosina (C) e timina (T) (Fig. 3).

Tabela 3. Características gerais das montagens e anotações e dados dos mitogenomas analisados.

Subfamília Arinae										
Espécie	Tribo	Montagem	Anotação	Seed	Khmer (NovoPlasty)	pb	% GC	Genes ausentes	Genes fragmentados	Duplicações
<i>Anodorhynchus leari</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	mitogenoma de <i>A. hyacinthinus</i>	23	16986	46	-	-	-
<i>Anodorhynchus glaucus</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	15699	47	-	-	-
<i>Aratinga jandaya</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16250	48	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	-
<i>Aratinga auricapillus</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16984	46	-	-	-
<i>Aratinga weddellii</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16994	46	-	-	-
<i>Cyanoliseus patagonus</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16976	45	-	-	-
<i>Deroptyus accipitrinus</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	18880	47	-	-	2x: tRNA-Pro e CR
<i>Enicognathus leptorhynchus</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16978	47	-	-	-
<i>Enicognathus ferrugineus</i>	Arini	NovoPlasty	Mitos2	CYTB	23	16978	47	-	ND3	-
<i>Eupsittula aurea</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16978	46	-	-	-
<i>Eupsittula cactorum</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16985	47	-	-	-
<i>Eupsittula canicularis</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16985	47	-	-	-
<i>Eupsittula nana</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16968	47	-	-	-
<i>Leptosittaca branickii</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	39	16976	45	-	-	-
<i>Primolius auricollis</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16992	47	-	-	-

<i>Psittacara wagleri</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16968	46	-	-	-
<i>Psittacara frontatus</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	16969	46	-	-	-
<i>Psittacara erythrogenys</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16972	46	-	-	-
<i>Psittacara finschi</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	45	16968	47	-	-	-
<i>Psittacara euops</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	45	16975	46	-	-	-
<i>Psittacara chloropterus</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16975	46	-	-	-
<i>Pyrrhura devillei</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	18841	47	-	-	-
<i>Pyrrhura emma</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2 de <i>Pyrrhura perlata</i>	23		46	-	-	-
<i>Pyrrhura lucianii</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2 de <i>Pyrrhura perlata</i>	23	16991	47	-	-	-
<i>Pyrrhura roseifrons</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	16993	48	-	-	-
<i>Pyrrhura leucotis</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2	23	16984	47	-	-	-
<i>Pyrrhura pfrimeri</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2 de <i>Pyrrhura perlata</i>	39	16924	46	<i>tRNA-Glu</i>	-	-
<i>Pyrrhura viridicata</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2 de <i>Pyrrhura perlata</i>	23	16992	47	-	-	-
<i>Pyrrhura rhodocephala</i>	Arini	NovoPlasty	MitoZ	ND2 de <i>Pyrrhura perlata</i>	23	16992	47	-	-	-
<i>Conuropsis carolinensis</i>	Arini	GetOrganelle	MitoZ	-	-	18855	45	-	-	-
<i>Alipiopsitta xanthops</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	CYTB	39	18268	45	-	-	2x: CR
<i>Amazona festiva</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18847	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona tucumana</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitos2	-	-	18646	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona finschi</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18739	46	-	-	2x: CR

<i>Amazona autumnalis</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18698	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona dufresniana</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18771	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona rhodocorytha</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	CYTB	39	18906	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona arausiaca</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18915	46	-	-	3x: CR
<i>Amazona oratrix</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18851	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona albifrons</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	ND2	39	16408	46	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	3x: CR
<i>Amazona xantholora</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	COX1	39	16398	46	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	2x: CR
<i>Amazona leucocephala</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18608	46	-	-	2x: CR
<i>Amazona kawalli</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	COX1	39	16473	47	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	3x: CR
<i>Amazona mercenarius</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18872	46	-	-	2x: CR
<i>Graydidascalus brachyurus</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz		-	18202	46	tRNAs	-	-
<i>Hapalopsittaca amazonina</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	mtDNA de Graydidascalus brachyurus	39	16407	48	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	3x: CR
<i>Hapalopsittaca pyrrhops</i>	Androglossini	NovoPlasty	Mitoz	mtDNA de Graydidascalus brachyurus	39	16407	48	ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro	-	3x: CR

<i>Hapalopsittaca melanotis</i>	Androglossini	<i>NovoPlasty</i>	Mitoz	<i>mtDNA de Graydidascalus brachyurus</i>	39	16487	47	<i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>	-	2x: CR
<i>Pionus fuscus</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	20613	46	-	-	3x: CR 2x: <i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>
<i>Pionus sordidus</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	20612	46	-	-	3x: CR 2x: <i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>
<i>Pionus maximiliani</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	20621	46	-	-	3x: CR 2x: <i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>
<i>Pionus tumultuosus</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16481	47	<i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>	-	-
<i>Pionus senilis</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	20649	46	-	-	3x: CR; 3x: CR; <i>ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro</i>
<i>Pyrilia haematotis</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18734	46	-	-	2x: CR
<i>Pyrilia barrabandi</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18660	46	-	-	2x: CR
<i>Pyrilia caica</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18702	46	-	-	2x: CR
<i>Pyrilia aurantiocephala</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18710	46	-	-	2x: CR
<i>Pyrilia vulturina</i>	Androglossini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18709	46	-	-	2x: CR

<i>Brotogeris sanctithomae</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16998	47	-	-	-
<i>Brotogeris tirica</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17280	47	-	-	-
<i>Brotogeris versicolurus</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17279	47	-	-	-
<i>Brotogeris chiriri</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17290	47	-	-	-
<i>Brotogeris pyrrhoptera</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17450	47	-	-	-
<i>Brotogeris jugularis</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17395	47	-	-	-
<i>Brotogeris chrysoptera</i>	Brotogerini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17454	47	-	-	-
<i>Bolborhynchus lineola</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16827	46	-	-	-
<i>Bolborhynchus orbygnesi</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19190	45	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro
<i>Nannopsittaca panychlora</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19524	47	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro
<i>Nannopsittaca dachilleae</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19061	46	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro
<i>Psilopsiagon aymara</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16908	45	-	-	2x: CR
<i>Psilopsiagon aurifrons</i>	Amoropsittacin i	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19357	45	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu e tRNA-Pro
<i>Touit batavicus</i>	Touitini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19026	45	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu; tRNA-Pro e tRNA-Thr

<i>Touit huetii</i>	Touitini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16852	44	-	-	-
<i>Touit dilectissimus</i>	Touitini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16821	44	-	-	-
<i>Touit purpuratus</i>	Touitini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19160	45	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu; tRNA-Pro e tRNA-Thr
<i>Touit stictopterus</i>	Touitini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	21231	44	-	-	2X: ND6 3x: CR; tRNA-Glu; tRNA-Pro e tRNA-Thr
<i>Forpus modestus</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	16973	46	-	-	2x: CR
<i>Forpus cyanopygius</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19061	46	-	-	2x: CR; ND6; tRNA-Glu; tRNA-Pro e tRNA-Thr
<i>Forpus spengeli</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17432	45	-	-	2x: CR
<i>Forpus crassirostris</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18452	45	-	-	2x: CR
<i>Forpus xanthopterygius</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18449	45	-	-	2x: CR
<i>Forpus conspicillatus</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	23027	45		-	4x: CR 3x: ND6; tRNA-Glu; tRNA-Pro e tRNA-Thr
<i>Forpus coelestis</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18454	45	-	-	2x: CR
<i>Forpus xanthops</i>	Forpini	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18462	45	-	-	2x: CR

Subfamília Psittacinae

Espécie	Tribo	Montagem	Anota ção	Seed	Kmer	pb	% GC	Genes ausentes	Genes fragmentados	Duplicações
<i>Psittacus timneh a</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17964	48	-	-	-
<i>Psittacus timneh b</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17964	48	-	-	-
<i>Poicephalus flavifrons</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18012	48	-	-	-
<i>Poicephalus robustus a</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	17771	49	-	-	-
<i>Poicephalus robustus b</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18202	49	-	-	-
<i>Poicephalus meyeri</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18321	48	-	-	-
<i>Poicephalus rueppellii</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	19929	48	-	-	2x: CR; <i>tRNA-Glu</i> e <i>tRNA-Pro</i>
<i>Poicephalus cryptoxanthus</i>	-	GetOrganelle	Mitoz	-	-	18037	48	-	-	-

A

*Anodorhynchus hyacinthinus*

B

*Ara ararauna*

C

*Aratinga auricapillus*

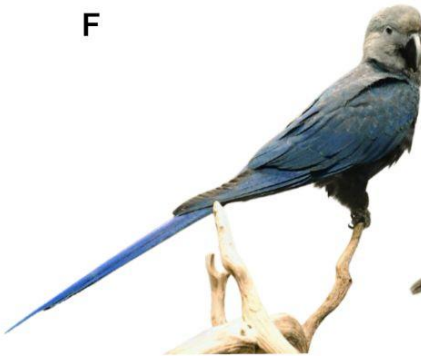
D

*Cyanoliseus patagonus*

E

*Derotypus accipitrinus*

F

*Cyanopsitta spixii*

G

*Diopsittaca nobilis*

H

*Enicognathus leptorhynchus*

I

*Eupsittula aurea*

J

*Guaruba guarouba*



Leptosittaca branickii



Ognorhynchus icterotis



Othopsittaca manilatus



Pionites melanocephalus



Primolius maracana



Psittacara wagleri



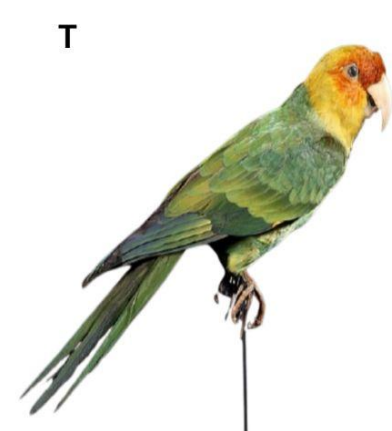
Pyrrhura pfrimeri



Rhynchopsitta pachyrhyncha



Thectocercus acuticaudatus



Conuropsis carolinensis

U

*Alipiopsitta xanthops*

V

*Amazona aestiva*

W

*Graydidascalus brachyurus*

X

*Hapalopsittaca pyrrhops*

Y

*Pionopsitta pileata*

Z

*Pionus chalcopterus*

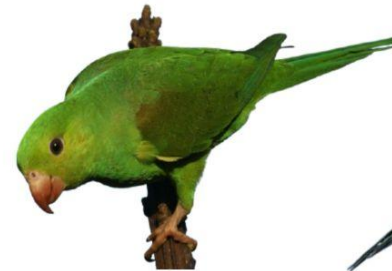
AA

*Pyrilia barrabandi*

AB

*Rhynchopsitta pachyrhyncha*

AC

*Brotogeris tirica*

AD

*Myiopsitta monachus*

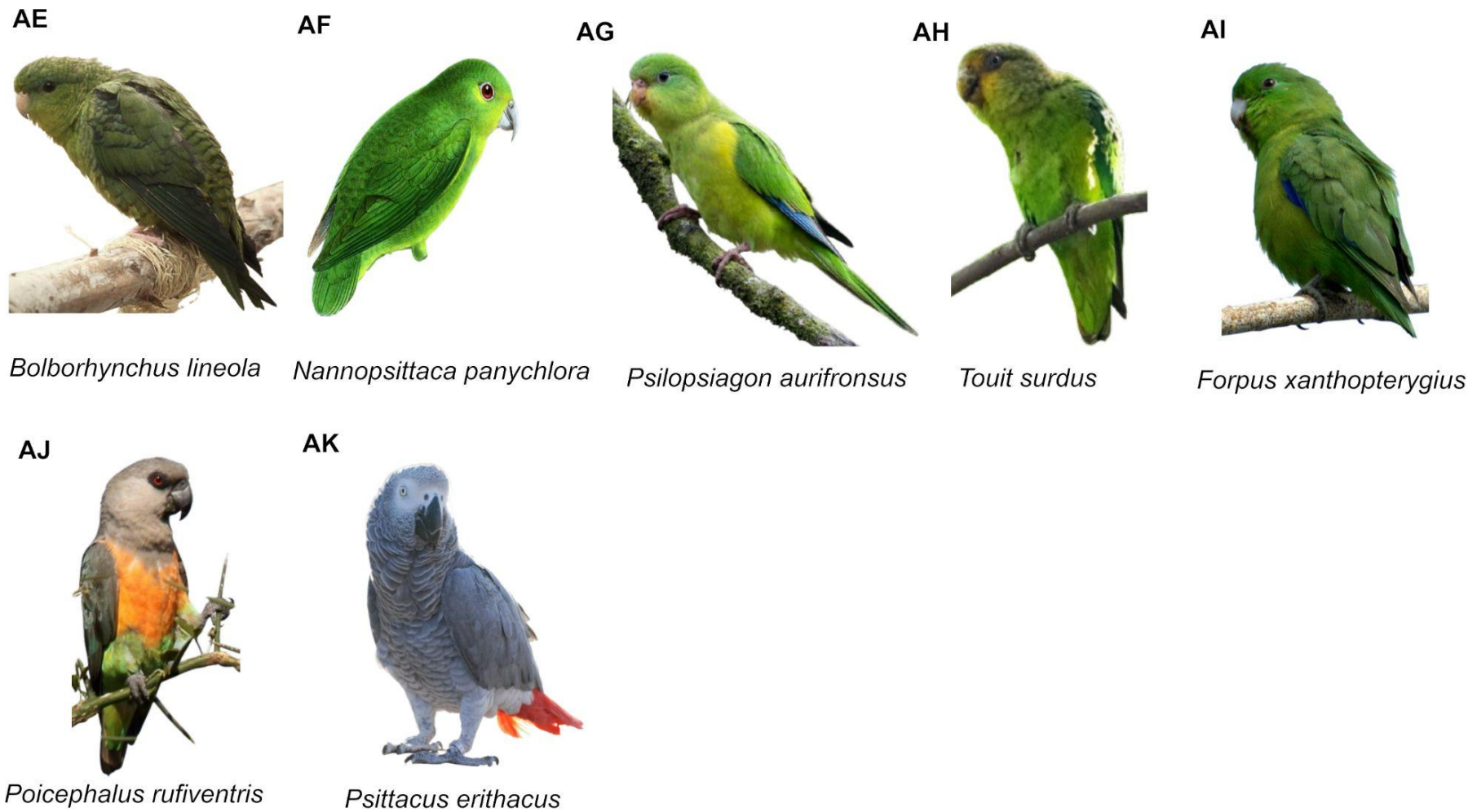


Fig. 1 Representantes dos 37 gêneros de Psittacidae. As informações de autoria, fonte e licença das imagens estão disponíveis na tabela 1 do material suplementar

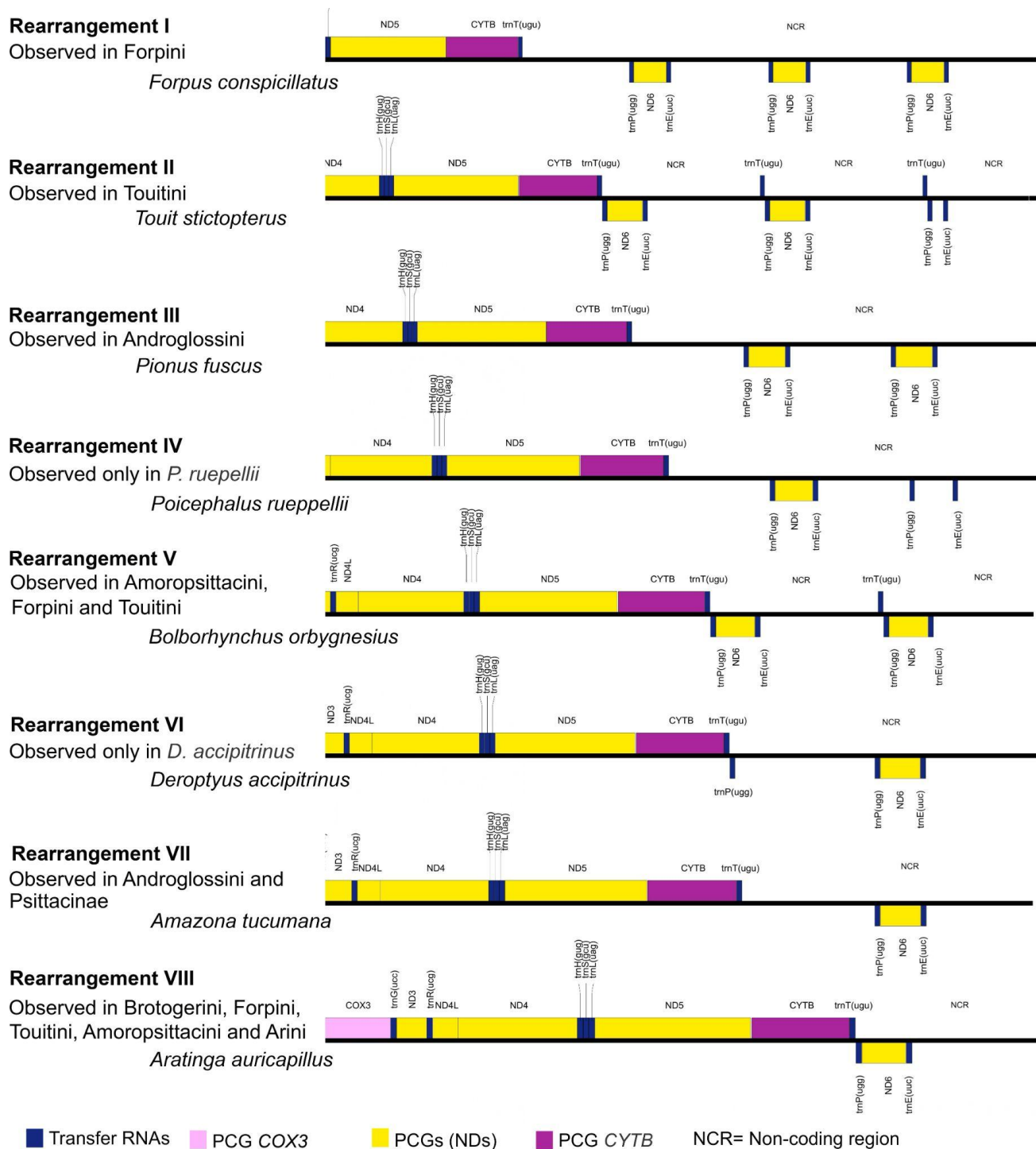


Fig. 2 Representação linear dos diferentes rearranjos gênicos identificados em Psittacidae. É exibida a região variante do genoma mitocondrial correspondente à localização dos blocos gênicos duplicados.

3.1.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini

Montamos e anotamos os genomas mitocondriais de 30 espécies da tribo Arini. As anotações gênicas revelaram o padrão típico observado em vertebrados. A

organização gênica foi conservada entre as espécies e seguiu a mesma ordem descrita para o genoma mitocondrial típico das aves (Fig. 2). Entretanto, identificamos no genoma mitocondrial de *Derophtus accipitrinus*, uma duplicação do gene trnP e da região controle (CR). O conteúdo GC variou de 44% a 47%. O comprimento dos genes codificadores manteve-se estável entre as espécies, com pequenas variações.

Entre os genes analisados, o *ND6* apresentou maior perda entre as espécies, com a sequência ausente em *Aratinga jandaya* e com regiões incompletas nos alinhamentos de outras espécies. Os demais genes mostraram alinhamentos contínuos e sem perdas consideráveis. A supracitada inserção na posição 174 do gene *ND3* foi identificada em todas as espécies analisadas (Fig. 3). Vale destacar que, embora a inserção tenha sido observada em todos os grupos de Arini cujas montagens e anotações foram realizadas neste estudo, ela não ocorre em todas as espécies da tribo.

3.1.2. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini

Montamos e anotamos os genomas mitocondriais de 28 espécies da tribo Androglossini e sete espécies da tribo Brotogerini (Tabela 3). A montagem não foi bem sucedida para 16 espécies, portanto, dos táxons das duas tribos sem mitogenoma completos montados e anotados disponível no GenBank, este estudo contempla 63% das espécies de Androglossini e 100% de Brotogerini. Para algumas espécies a anotação não foi eficiente em recuperar os 37 genes, com ausência restrita aos genes de tRNA e da NADH desidrogenase subunidade seis (*ND6*) (Tabela 3). As montagens alinhadas não mostraram ausência de grandes lacunas, evidenciando boa qualidade geral dos mitogenomas obtidos. Os mitogenomas anotados variaram em 16.398 e 20.649 pb em Androglossini e em 16.998 e 17.454 pb em Brotogerini. O conteúdo GC em Androglossini variou entre 45% e 48%. Em Brotogerini se manteve em 47%.

Identificamos em quatro dos cinco mitogenomas montados do gênero *Pionus*, uma duplicação no bloco gênico trnP- *ND6*- trnE (trnP, RNA transportador da prolina; *ND6*; trnE, RNA transportador do glutamato) (Fig. 2). Além disso, observamos na CR destas espécies, a presença de três regiões, interpretadas pela ferramenta de anotação, como sendo origens de replicação (ORs). Esse mesmo

padrão de repetição foi observado nas demais espécies da tribo Androglossini, com a presença de três ou duas ORs, com exceção de *Pionus tumultuosus*, onde identificamos apenas uma OR. Visto que a ferramenta de anotação não conseguiu anotar os tRNAs de *Graydidascalus brachyurus*, não foi possível identificar sua CR. Observamos um maior comprimento dos mitogenomas e da CR de espécies com mais de uma OR, o que associado ao número de OR, é consistente com eventos de duplicação ou triplicação da CR. Não identificamos indícios de duplicação em *Pionus tumultuosus* e em nenhuma espécie da tribo Brotogerini.

3.1.3. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini

Montamos e anotamos os mitogenomas de seis espécies da tribo Amoropsittacini e de cinco espécies da tribo Touitini (Tabela 3). As montagens não foram bem sucedidas para quatro espécies. Sendo assim, contemplamos neste estudo, 86% de espécies de Amoropsittacini e 62% de Touitini, no que tange a disponibilidade de genomas mitocondriais completos montados e anotados, o que corresponde a 100% dos mitogenomas completos disponibilizados no GenBank para estas tribos. Os anotadores foram eficientes em recuperar todos os genes mitocondriais típicos de vertebrados, com exceções pontuais. Identificamos PCGs, tRNAs e rRNAs, além da CR. Os mitogenomas anotados variaram em 16.827 e 19.524 pb em Amoropsittacini e em 16.821 e 21.231 pb de Touitini. O conteúdo GC variou de 45% a 47% e 44% a 45 % em Amoropsittacini e Touitini, respectivamente.

Identificamos nos mitogenomas de cinco das seis espécies anotadas de Amoropsittacini e de três das cinco de Touitini, uma duplicação no bloco gênico trnP-ND6- trnE, separadas por espaços intergênicos não codificantes (Fig. 2). Além dessas duplicações, identificamos também a duplicação do trnT (RNA transportador da treonina) e da CR. Observamos nos mitogenomas destas espécies, duas regiões tidas como ORs, presente também em *Psilopsiagon aymara*, espécie sem a duplicação do bloco gênico ou do trnT. Montamos duas bibliotecas de *B. lineola*, e os mitogenomas resultantes aqui nomeados “a” e “b”, apresentaram características e tamanho distintos. As citadas duplicações foram identificadas em *B. lineola* a, mas não em *B. lineola* b. Observamos que a CR de *P. aymara* é ligeiramente maior que a de *B. lineola* b, ambas as espécies sem os supracitados indícios de duplicações. Este mesmo padrão de repetição gênica, porém, em três cópias, foi identificado em *T. stictopterus*, cuja única discrepância é a ausência do ND6 na terceira repetição do

bloco gênico. Observamos um maior comprimento dos mitogenomas de espécies com mais de uma OR. Não identificamos evidências de duplicação em *B. lineola* b, *T. huetii* e *T. dilectissimus*.

3.1.4. Subfamília Arinae- Tribo Forpini

Montamos e anotamos os genomas mitocondriais de oito espécies da tribo Forpini (Tabela 3). Contemplamos 100% das espécies sem mitogenoma completo disponível no GenBank, representando uma contribuição de 89% para a tribo, o que possibilitou a cobertura de 100% do grupo no que se refere à disponibilidade de genomas mitocondriais completos, montados e anotados. Identificamos em ambas as espécies, os PCGs, rRNAs e tRNAs típicos de vertebrados, além da CR. O comprimento dos mitogenomas anotados variou de 16.973 a 23.027 pb. O conteúdo GC variou entre 45% e 46%.

Identificamos em duas espécies da tribo, um rearranjo gênico discrepante das demais (Fig. 2). *Forpus cyanopygius* apresentou a mesma supracitada duplicação do bloco gênico trnP- *ND6*- trnE, do trnT e da CR, com a presença de duas OR no mitogenoma. Já em *Forpus conspicillatus*, observamos uma triplicação no mesmo bloco gênico. Nas sequências não codificantes coincidentes com a CR, identificamos quatro regiões tidas como ORs, indicando evento de quadruplicação. Nas demais espécies da tribo, identificamos duas ORs, consistente com eventos de duplicação da CR.

3.1.5. Subfamília Psittacinae

Montamos e anotamos os genomas mitocondriais de seis espécies da subfamília Psittacinae (Tabela 3). Contemplamos 75% das espécies sem mitogenoma completo disponível no GenBank, representando uma contribuição de 50% para a subfamília, o que possibilitou a cobertura de 83% do grupo no que se refere à disponibilidade de genomas mitocondriais completos, montados e anotados. Identificamos em ambas as espécies, os PCGs, rRNAs e tRNAs típicos de vertebrados, além da CR. O comprimento dos mitogenomas anotados variou de 17.771 a 19.929 pb. O conteúdo GC variou entre 48% e 49%. Identificamos em uma espécie, um rearranjo gênico divergente das demais (Fig. 2). *Poicephalus rueppellii* apresentou uma duplicação dos genes trnP, trnE e CR, com a identificação de três OR no mitogenoma. Nas demais espécies, com exceção de *P. rufiventris*,

identificamos duas ORs, consistente com eventos de duplicação da CR. Em *P. rufiventris* encontramos apenas uma OR.

3.2. Inferência filogenética e análise de sequências divergentes

A análise individual das anotações indicou a ausência do gene *ND6* em oito espécies, assim, conduzimos a inferência filogenética com base nos 12 PCGs concatenados, excluindo o *ND6*. A árvore resultante (Fig. 3) apresentou topologia estável e elevados valores de suporte, evidenciando relações bem resolvidas entre os principais clados de Psittacidae. Para melhor visualização das relações entre as topologias, construímos também uma árvore colapsada (Fig. 4), onde os principais grupos são apresentados como agrupamentos resumidos. Destacamos que apesar dos grupos colapsados, nem todos são monofiléticos, conforme será discutido adiante. Identificamos a separação clara entre as linhagens africanas (Psittacinae) e neotropicais (Arinae). Observamos também maior proximidade entre as tribos Androglossini e Brotogerini; Amoropsittacini e Touitini; bem como entre Forpini e Arini.

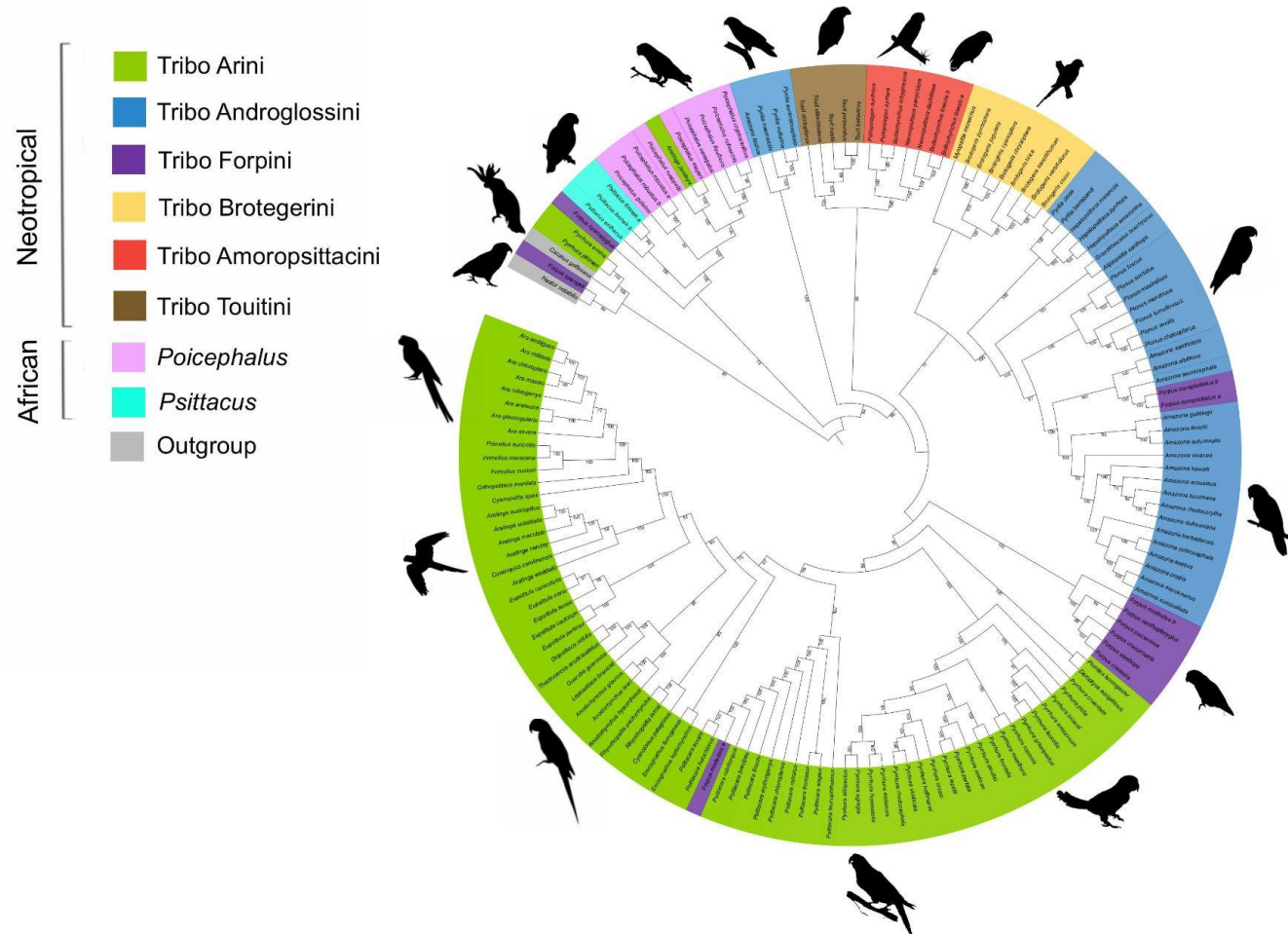


Fig. 3 Árvore filogenética circular da família Psittacidae, inferida pelo método de máxima verossimilhança (ML) a partir do conjunto concatenado dos 12 PCGs, com exclusão do *ND6*. As cores indicam os agrupamentos taxonômicos em Psittacidae (tribos de Arinae e gêneros de Psittacinae). As silhuetas representam, de forma ilustrativa, a morfologia característica dos grupos analisados.

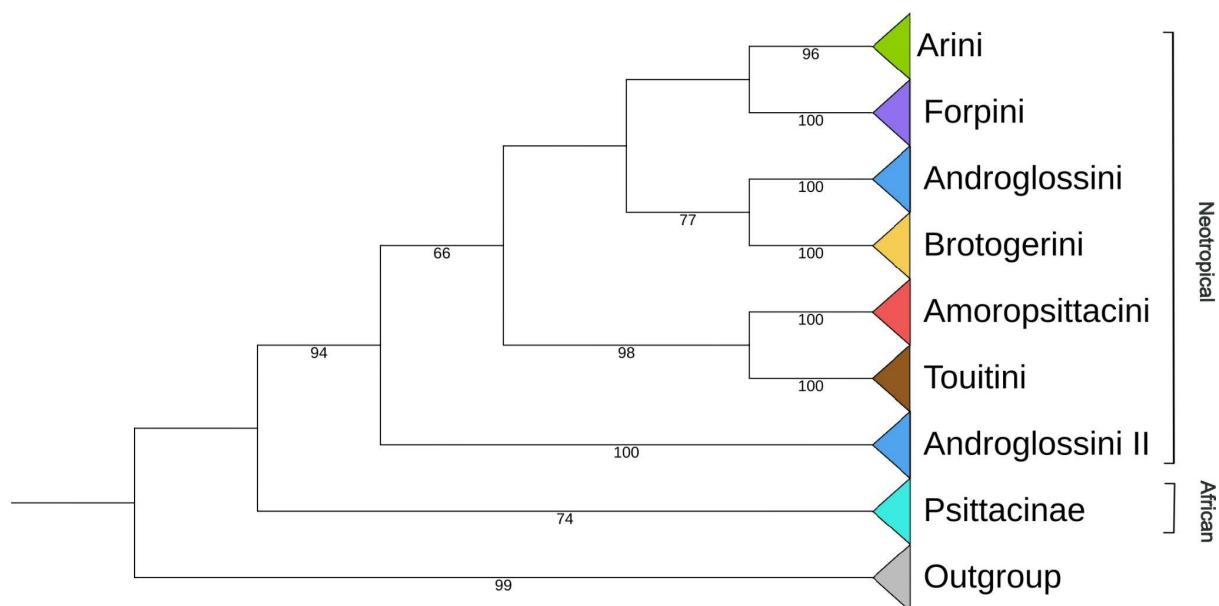


Fig. 4 Árvore filogenética colapsada da família Psittacidae (subfamília Arinae e Psittacinae), inferida a partir do conjunto concatenado dos 12 PCG, com exclusão do *ND6*. Os grupos colapsados são representados por triângulos. Os valores indicam o suporte dos ramos e foram exibidos quando igual ou superior a 60. O clado Androglossini corresponde ao agrupamento principal da tribo, enquanto Androglossini II compreende algumas espécies de *Pyrilia*. Psittacinae compreende os psitacídeos africanos.

Em análise mais detalhada dos clados, algumas amostras apresentaram posicionamentos divergentes em relação ao esperado taxonomicamente. A saber: *A. jandaya*, foi recuperada junto ao gênero africano de *Poicephalus* (fig. 11); *F. cyanopygius*, agrupou-se no clado Psittacinae (fig. 11); *F. conspicillatus*, foi recuperada inserida em Androglossini (fig. 8); *F. spengeli*, foi recuperada junto ao grupo externo, assim como *P. emma* e *P. pfrimeri*, posicionadas fora do clado principal de Arini (fig. 6). Esses casos são detalhados individualmente nas seções correspondentes.

3.2.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini

Observamos na inferência filogenética da tribo Arini, alguns posicionamentos filogenéticos divergentes do esperado. A espécie *A. jandaya*, tradicionalmente incluída no clado das aratingas, foi recuperada distante das demais espécies do grupo, agrupando-se com o gênero *Poicephalus* (fig. 5), indicando alta afinidade genética deste táxon com o gênero. O clado formado pelos gêneros *Ara*, *Primolius*,

Orthopsittaca e *Cyanopsitta*, foi recuperado como grupo irmão do clado *Aratinga*, com bootstrap máximo (fig. 5). Adicionalmente, destacamos ainda o agrupamento formado por *Diopsittaca*, *Thectocercus*, *Guaruba* e *Leptosittaca*, também suportado por valores máximos de bootstrap.

A extinta *Conuropsis carolinensis* foi recuperada dentro do clado *Aratinga*, com alto suporte, sugerindo forte afinidade filogenética entre esses táxons. Observamos ainda, a presença de um táxon de Forpini (*F. modestus*) inserido dentro de Arini, sendo este padrão discutido em maior detalhe na seção correspondente à tribo Forpini. As espécies *Pyrrhura emma* e *Pyrrhura pfrimeri*, não se agruparam com as demais espécies de *Pyrrhura*, mas sim com o grupo externo, com suporte máximo (fig. 6). Entretanto, ao excluir estes táxons, o gênero foi recuperado como um grupo monofilético bem sustentado, com valores de bootstrap entre 97 e 100%.

Identificamos três clados distintos dentro de *Pyrrhura*: (I) um com apenas *Pyrrhura cruentata*, reconhecida como a linhagem mais basal do grupo; (II) um segundo clado composto por *Pyrrhura picta*, *Pyrrhura lucianii*, *Pyrrhura amazonum*, *Pyrrhura leucotis* e *Pyrrhura griseipectus* e (III) um terceiro agrupando as demais espécies.

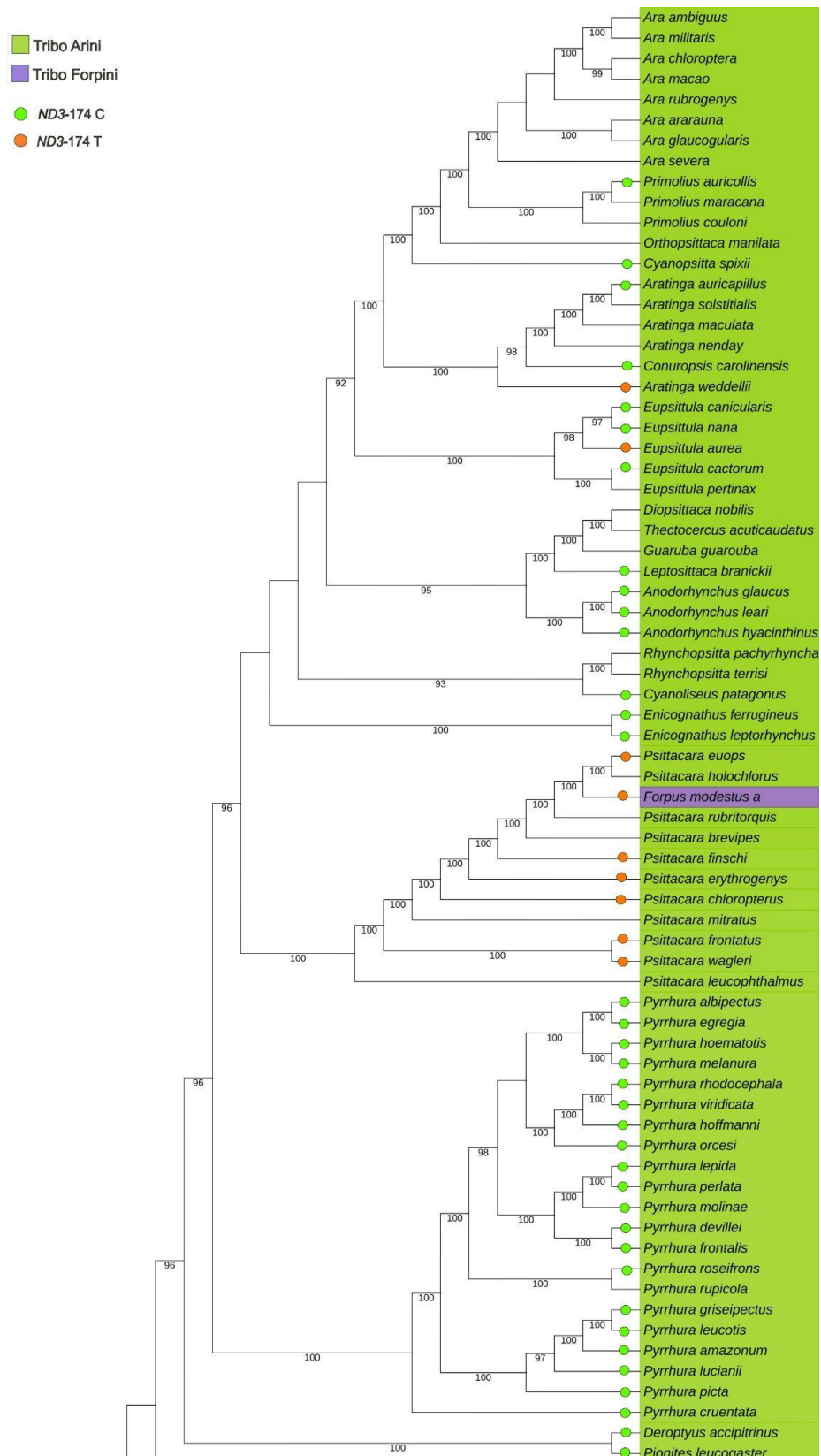


Fig. 5 Inferência filogenética da tribo Arini baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina. Estão exibidos valores de bootstrap superiores a 90.

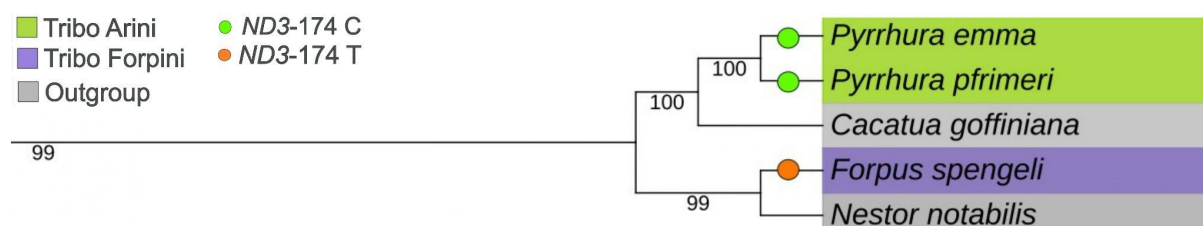


Fig. 6 Parte da Inferência filogenética da família Psittacidae, baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6, evidenciando o clado do grupo externo com a presença de espécies da tribo Arini e Forpini. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina. Estão exibidos valores de bootstrap superiores a 90.

3.2.2. Subfamília Arinae- Tribos Forpini

Espécies do gênero *Forpus* foram recuperadas em cinco clados distintos:

- (I): Agrupamento principal bem suportado com *F. coelestis*, *F. xanthops*, *F. passerinus*, *F. xanthopterygius*, *F. crassirostris* e *F. modestus* b, sendo recuperado como clado irmão da tribo Arini (fig. 7);
- (II): *F. conspicillatus* a e b recuperadas dentro da tribo Androglossini, no clado *Amazona*, com suporte máximo, indicando alta afinidade deste táxon com o gênero *Amazona* (fig.8);
- (III): *F. modestus* “a” recuperada dentro da tribo Arini, inserida no clado *Psittacara*, com suporte máximo (fig. 5), indicando alta similaridade desta amostra, com o gênero *Psittacara*. A comparação Blast indicou que as amostras *F. modestus* “a” e “b” apresentam aproximadamente 86% de identidade, com 96% de cobertura e e-value igual a zero, inconsistente com a atribuição de ambas à mesma espécie;
- (IV): *F. cyanopygius* recuperada com suporte máximo, dentro do clado Psittacinae, os psitacídeos africanos (fig. 11), ocupando posição basal, indicando alta afinidade deste táxon com a subfamília Psittacinae;
- (V): *F. spengeli* recuperada com alto valor de suporte, no clado do grupo externo (fig. 6). Análise Blast indicou 99% de identidade com *Micrastur gilvicollis* (Falconidae), com 100% de cobertura e e-value igual a zero.

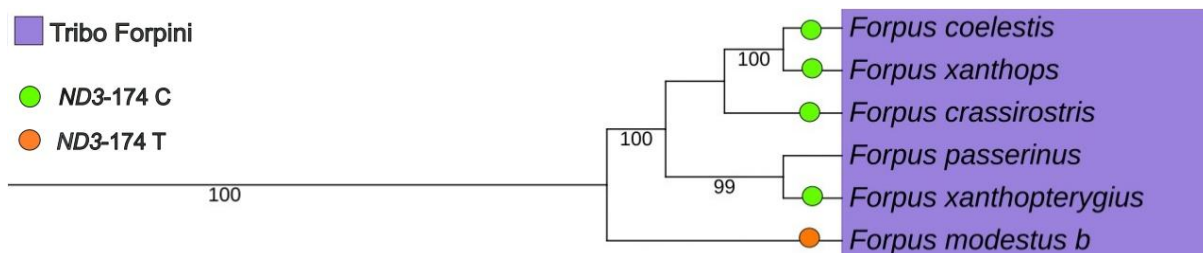


Fig. 7 Inferência filogenética da tribo Forpini baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina.

3.2.3. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini

Identificamos a proximidade filogenética entre as tribos Androglossini e Brotogerini. Recuperamos o agrupamento correspondente à tribo Brotogerini, conforme proposto recentemente, o qual inclui *Myiopsitta monachus* e as espécies do gênero *Brotogeris*, com suporte máximo (fig. 8).

Em Androglossini, a maior parte das espécies analisadas foi recuperada em um clado principal, abrangendo representantes de *Amazona*, *Pionus*, *Alipiopsitta*, *Graydidascalus*, *Hapalopsittaca* e parte de *Pyrilia*. Nesse agrupamento, *Pyrilia barrabandi* e *P. caica* foram recuperadas próximas de *Hapalopsittaca*, com suporte máximo. Adicionalmente, foi recuperado um segundo agrupamento de Androglossini (Androglossini II), formado por *P. aurantiocephala*, *P. vulturina*, *P. haematotis* e *Amazona festiva*, todos reunidos com suporte máximo (fig. 9). Dentro desse clado, *A. festiva* foi recuperada em posição divergente em relação às demais espécies de *Amazona* incluídas na análise. A análise Blast indicou que a sequência atribuída à *A. festiva* apresenta aproximadamente 93% de identidade com espécies do gênero *Amazona*, com 99% de cobertura e e-value igual a zero.

Ainda no mesmo âmbito, as duas amostras de *F. conspicillatus* a e b (a e b), foram recuperadas inseridas dentro do clado *Amazona*, com suporte máximo (fig. 8), indicando um padrão inconsistente com a delimitação taxonômica esperada. A análise Blast dessas amostras indicou alta similaridade com sequências de *Amazona*, corroborando seu posicionamento na árvore. Esses posicionamentos serão abordados em maior detalhe nas seções específicas de cada tribo.

A limitação do número de amostras disponíveis para o gênero *Pyrilia*, restringe a avaliação mais robusta do posicionamento desses táxons, e a dificuldade

na recuperação dos mitogenomas de *P. pulchra* e *P. pyrrilia* impediu uma inferência filogenética mais completa do gênero.

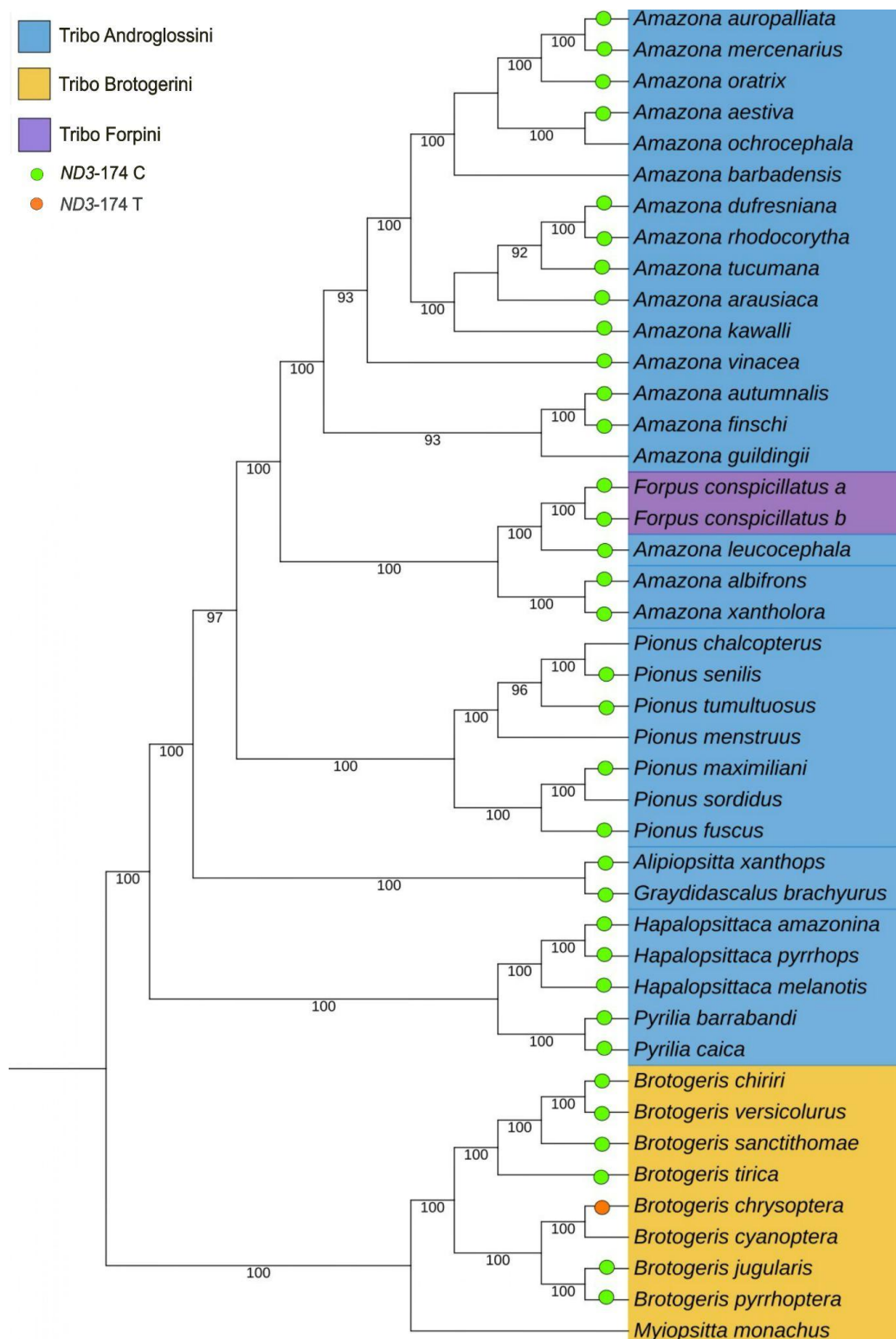


Fig. 8 Inferência filogenética das tribos Androglossini e Brotogerini baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina.

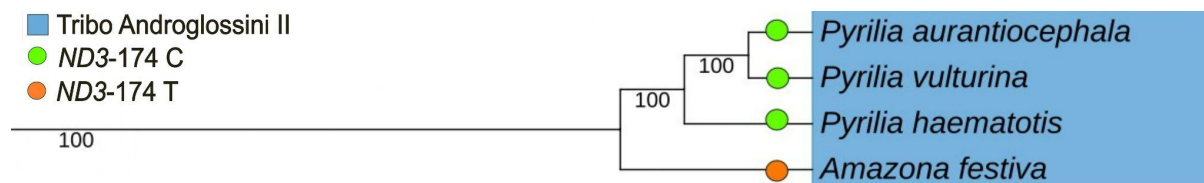


Fig. 9 Inferência filogenética das tribos Androglossini e Brotogerini baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina.

3.2.4. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini

As tribos Amoropsittacini e Touitini foram recuperadas como grupos monofiléticos, ambos com alto suporte (fig. 10). Identificamos de forma clara e bem suportada, o agrupamento historicamente descrito como tribo Amoropsittacini, aqui recuperado subdividido em dois clados distintos, em concordância com a composição recentemente proposta. Um compreendendo os gêneros *Bolborhynchus*, *Nannopsittaca* e *Psilopsiagon* e outro composto exclusivamente por *Touit*.

As duas espécies de *Bolborhynchus* não foram recuperadas como grupo irmãos, agrupando-se mais proximamente a espécies de outros gêneros do que entre si, em clados bem suportados. *B. lineola* foi recuperada como mais próxima de *Nannopsittaca*, enquanto *B. orbygnesi* se agrupou com *Psilopsiagon*. As duas amostras de *B. lineola* (a e b) agruparam-se juntas, com suporte máximo.

O gênero *Bolborhynchus* não pôde ser completamente amostrado, visto que não foi possível reconstruir o mitogenoma de *B. ferrugineifrons* a partir da única biblioteca disponível no SRA.

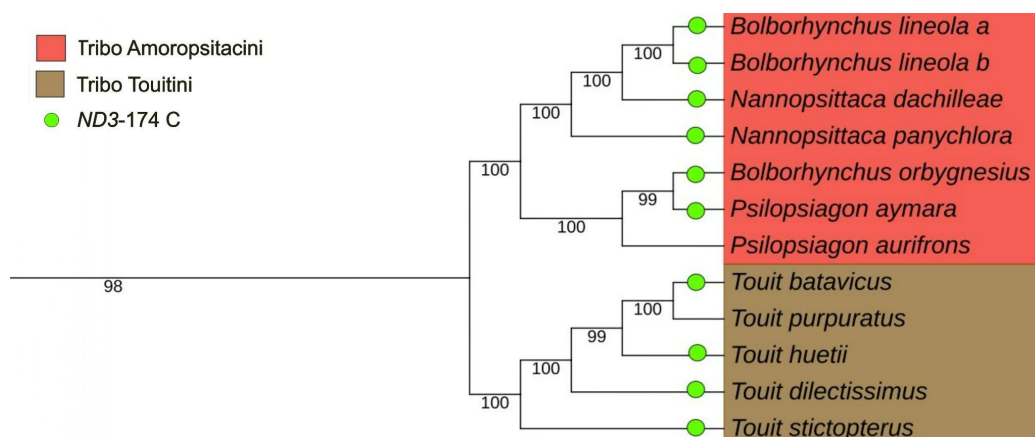


Fig. 10 Inferência filogenética das tribos Amoropsittacini e Touitini baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos verdes indicam a presença da inserção ND3-174 de citosina.

3.2.5. Subfamília Psittacinae

A subfamília Psittacinae foi recuperada como um clado bem suportado, distinto das linhagens neotropicais, reunindo os gêneros africanos *Poicephalus* e *Psittacus* (fig. 11). Dentro desse agrupamento, *Psittacus* foi recuperado como monofilético, com suporte máximo. Em *Poicephalus*, a inclusão de *A. jandaya* entre amostras do gênero resultou em incompatibilidade quanto ao monofiletismo do grupo na presente análise. Adicionalmente, *Forpus cyanopygius* foi recuperada como linhagem basal em relação ao clado africano. Desconsiderando esses posicionamentos inesperados, as espécies de *Poicephalus* distribuíram-se em três clados distintos, todos com alto suporte.

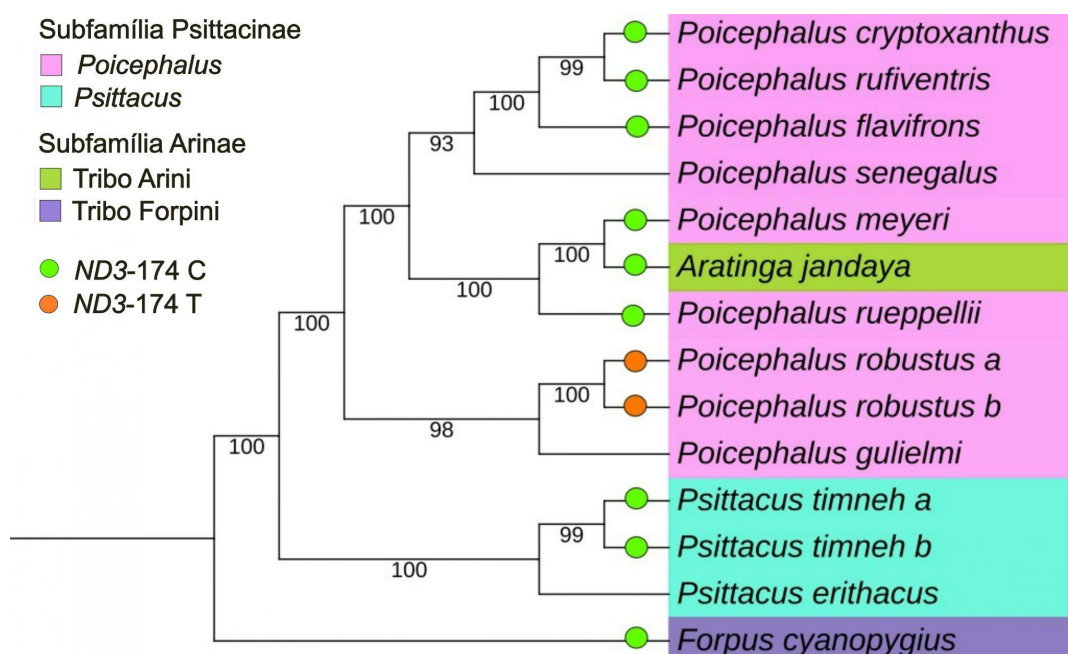


Fig. 11 Inferência filogenética da subfamília Psittacinae (gêneros *Poicephalus* e *Psittacus*) baseada em 12 PCGs, com exclusão do ND6. Os círculos indicam a presença da inserção ND3-174. Círculos cor de laranja indicam inserção de timina. Círculos verdes, inserção de citosina.

4. Discussão

4.1. Mitogenomas e rearranjos gênicos

A ampliação da cobertura mitogenômica da família Psittacidae em aproximadamente 51%, representa uma contribuição significativa para a compreensão da história evolutiva mitocondrial e das relações filogenéticas do grupo. As montagens e anotações mitocondriais obtidas para as espécies da família

Psittacidae, apresentaram majoritariamente a composição padrão comumente observada em vertebrados, com a presença da CR e 37 genes, divididos em 22 de tRNA, 2 de rRNA e 13 PCGs (Urantówka et al. 2020b).

A organização gênica dos mitogenomas seguiu o mesmo padrão típico aviano sem a identificação de grandes rearranjos. Entretanto, observamos desvios pontuais deste padrão, caracterizados pelas recorrentes duplicações de *trnT*, *trnP*, *NAD6*, *trnE* e a CR em diferentes grupos, sugerindo que estes rearranjos estruturais não são eventos singulares, mas podem ter surgido de forma independente várias vezes ao longo da evolução dos psitacídeos. Estudos anteriores documentaram múltiplas origens independentes de duplicações da CR em Psittaciformes, inferidas em reconstruções filogenéticas amplas da ordem (Schirtzinger et al. 2012; Urantówka et al. 2017e; Lima et al. 2018; Urantowka et al. 2018b; Urantówka et al. 2020a) e a presença em muitas espécies, da citada duplicação do bloco gênico *trnT*, *trnP*, *NAD6*, *trnE* (Eberhard and Wright 2016b; Urantówka et al. 2017e).

A presença dos genes duplicados adjacentes à CR, apoia a ideia de um “efeito carona estrutural”, em que a duplicação da CR “arrasta” genes fisicamente próximos, resultando em blocos gênicos repetidos. Em vertebrados, essa dinâmica de duplicação em bloco é explicada pelo mecanismo “tandem duplication- random loss”, no qual segmentos próximos são replicados em tandem e as cópias podem ser perdidas ou mantidas ao longo do tempo (San Mauro et al. 2006; Hartmann et al. 2018). A manutenção das duplicações da CR pode estar relacionada às vantagens funcionais associadas a um maior número de OR, o que tem potencial de aumentar a eficiência da replicação mitocondrial e a produção de energia, refletindo em fenótipos com maior capacidade de voo e longevidade (Urantowka et al. 2018b).

Além disso, a recorrência de duplicações envolvendo genes de tRNA, sugere uma flexibilidade do genoma mitocondrial dessas espécies, permitindo a manutenção de cópias. O impacto de variações no número de cópias de genes de tRNAs sobre o uso de códons e sobre a eficiência da tradução, pode ser compensado pela importação de tRNAs citosólicos, processo descrito em mitocôndria de vertebrados (Xia et al. 2014). Esse cenário sugere que a manutenção das duplicações de tRNAs identificadas, pode ser resultantes não apenas da proximidade física com a CR, mas também da flexibilidade funcional mitocondrial.

A ocorrência de duplicações envolvendo o gene *ND6*, pode refletir uma possível tolerância funcional a variações no número de cópias desse gene, embora os mecanismos para tal não sejam totalmente compreendidos. Em função da sua localização na fita leve, sendo o único PCG codificado nesta fita, o *ND6* pode estar submetido a um regime evolutivo distinto dos demais PCGs. Estudos já descritos, com mitogenomas de Psittaciformes indicam que cópias de *ND6* podem ser mantidas como sequências funcionais ou passar por processo de degradação ao longo do tempo, sem evidências aparentes de prejuízo à sua função mitocondrial (Urantówka et al. 2017d; Urantowka et al. 2018b; Urantówka et al. 2020b). Ainda nesse contexto, a discrepância observada entre os mitogenomas de *B. lineola* a e b, que diferem em tamanho e arquitetura gênica, com a presença de duplicações envolvendo tRNAs e a região controle apenas na amostra “a”, pode refletir variação intraespecífica, possivelmente associada a rearranjos ainda não fixados na espécie. No entanto, a confirmação dessa hipótese requer investigações adicionais, incluindo maior amostragem e análises complementares, a fim de distinguir variação biológica de potenciais artefatos metodológicos.

A inserção de um único nucleotídeo detectada no gene *ND3* é compatível com um “frameshift mitocondrial” do tipo +1, um fenômeno recorrente em mitogenomas de aves e amplamente documentado na literatura (Mindell et al. 1998; Russell and Beckenbach 2008; Zou et al. 2015; Yan et al. 2017; Andreu-Sánchez et al. 2021). Esse tipo de alteração é considerada funcionalmente tolerada, uma vez que não compromete a tradução correta da proteína, sendo compensado por um mecanismo de recodificação translacional programada. Nesse processo, o ribossomo desloca-se uma posição ao longo do mRNA, restabelecendo o quadro de leitura original e permitindo a adequada síntese proteica (Russell and Beckenbach 2008). A manutenção desta inserção pode ser atribuída a este mecanismo compensatório e também, ao fato de a inserção estar localizada na terceira posição do códon, o que tende a não resultar em alterações aminoacídicas (Ye and Lehmann 2022).

Adicionalmente, o padrão de distribuição dessas inserções na posição 174 do *ND3*, nas diferentes linhagens, sugere que este caráter possa ter surgido de forma independente, mais de uma vez ao longo da história evolutiva da família, consistente com o contexto de evolução convergente. Entretanto, é provável que em alguns grupos a inserção tenha sido herdada de um ancestral comum, com perdas

secundárias em determinadas espécies. Ainda nesse âmbito, a dificuldade da eficiente anotação do gene *ND3* chama a atenção para as limitações das ferramentas de anotação, sobretudo diante de particularidades estruturais e evolutivas de cada espécie.

4.2. Inferência filogenética

A filogenia construída para a família Psittacidae, com base em 12 PCGs, sem a presença do *ND6*, apresenta robustez dado o conjunto de dados moleculares. A estrutura geral da árvore, tanto a colapsada (fig. 4) quanto àquela com os ramos expandidos (fig. 3 e 5 -11), foi consistente e bem sustentada por elevados valores de suporte, conferindo confiança aos agrupamentos obtidos. Recuperamos agrupamentos historicamente reconhecidos na literatura, refletindo relações evolutivas coerentes entre os gêneros e reafirmando a garantia, para análises filogenéticas, do sinal mitogenômico conferido por um maior aporte de dados.

Além de contribuir para o esclarecimento das relações evolutivas, os resultados obtidos ampliam a base de informações moleculares disponível para a conservação de Psittacidae. A identificação de relações filogenéticas e de possíveis linhagens evolutivamente distintas é relevante para a definição de unidades de manejo e para a priorização de táxons em estudos de conservação, especialmente em um grupo que apresenta elevada proporção de espécies com populações em declínio ou sob algum grau de ameaça. Nesse contexto, a ampliação da cobertura mitogenômica realizada neste estudo fornece uma base molecular que pode subsidiar estudos futuros de diversidade genética, estrutura populacional, história demográfica e delimitação de linhagens, contribuindo para estratégias de manejo e conservação mais informadas. Entretanto, a utilização desses dados para decisões de conservação requer sua integração com informações nucleares, ecológicas, demográficas e biogeográficas (Lugarini et al. 2021; Padilla-Jacobo et al. 2025).

4.2.1. Subfamília Arinae- Tribo Arini

Os gêneros *Eupsittula*, *Psittacara*, *Aratinga* e *Thectocercus* foram recuperados em clados distintos, mas próximos e bem sustentados dentro de Arini, refletindo a ancestralidade comum desses gêneros, que historicamente já tiveram todas as suas espécies agrupadas em *Aratinga*. Nossa filogenia (fig. 5) corrobora a revisão taxonômica que dividiu o antigo *Aratinga* e reagrupou algumas espécies

ressuscitando *Eupsittula*, *Psittacara* e *Thectocercus* (Remsen et al. 2013). Apesar do monofiletismo destes gêneros, algumas espécies foram recuperadas em agrupamentos diferentes do documentado na literatura, corroborando a já descrita relação entre os diferentes rearranjos filogenéticos das árvores obtidas e o tipo de dados e de abordagens metodológicas utilizadas nas análises (Smith et al. 2023a, 2024).

No gênero *Eupsittula*, é relatada na literatura uma inconsistência caracterizada por uma politomia entre *E. cactorum* e *E. pertinax*, identificada em análise utilizando *COX1* e *ND2* (Padilla-Jacobo et al. 2025). Nossa filogenia resolve essa incerteza, recuperando *E. cactorum* como táxon irmão de *E. pertinax* em um agrupamento com suporte máximo. A resolução dessa politomia provavelmente reflete o efeito de uma amostragem mais ampla, com um aporte maior de dados. A maior consistência entre os genes concatenados possivelmente proporcionou um sinal filogenético mais estável na nossa inferência.

O agrupamento bem suportado, formado por *Thectocercus acuticaudatus*, *Diopsittaca nobilis*, *Guaruba guaruba* e *Leptosittaca branickii* está em concordância com o observado em estudos anteriores (Urantowka et al. 2013a; Urantówka et al. 2017f; Padilla-Jacobo et al. 2025). A manutenção desse padrão em diferentes resultados de estudos com distintas abordagens filogenéticas e conjuntos de dados mitocondriais, indica que as relações entre esses táxons estão bem resolvidas, conferindo certeza ao agrupamento desse clado dentro da tribo Arini. Vale destacar ainda neste agrupamento, a espécie *D. nobilis*, que apesar de ser agrupada morfologicamente dentro do grupo Arara, mostrou maior proximidade com os táxons de Conure, refletindo a fragilidade de agrupamentos baseados exclusivamente em dados fenéticos, como os que embasam a separação de Arini em Conures e Araras (Urantowka and Mackiewicz 2017).

Em *Psittacara*, *P. leucophthalmus* foi recuperada como a espécie de divergência mais antiga do grupo, o que é consistente com as relações filogenéticas previamente reportadas para o gênero (Urantowka et al. 2013a; Padilla-Jacobo et al. 2025). Em *Aratinga*, a proximidade genética entre *A. jandaya* e espécies de *Poicephalus* (fig. 11) indica a possibilidade de erro de deposição no SRA da sequência identificada como *A. jandaya*. Considerando que o gênero *Poicephalus* é um grupo africano, morfologicamente distinto e geograficamente isolado de *A. jandaya* (Collar and Kirwan 2020a), a semelhança observada é mais bem explicada

por uma troca accidental de biblioteca do que por erro de identificação das espécies ou por introgressão. Essa hipótese é sustentada pela baixa correspondência entre *A. jandaya* e as demais espécies de *Aratinga*. Tal discordância na posição filogenética da espécie inviabiliza a avaliação completa do gênero. Desconsiderando *A. jandaya*, as demais espécies do gênero formaram um agrupamento coeso e fortemente sustentado, com valores de suporte majoritariamente máximos.

O agrupamento de *Conuropsis carolinensis* dentro de *Aratinga*, com alto suporte, corrobora a já documentada afinidade entre esses gêneros (Provost et al. 2018; Selvatti et al. 2022; Padilla-Jacobo et al. 2025), entretanto, torna *Aratinga* parafilético. As similaridades morfológicas e comportamentais historicamente reconhecidas entre as aratingas e *C. carolinensis*, nativa do sudeste dos Estados Unidos, foram por muito tempo base para essa associação, até que estudos moleculares completaram e confirmaram tal proximidade evolutiva. Entretanto, a posição exata de *C. carolinensis* dentro de *Aratinga* variou entre distintas reconstruções filogenéticas documentadas (Kirchman et al. 2012; Padilla-Jacobo et al. 2025). A inserção de *C. carolinensis* dentro de *Aratinga* sugere que a extinta espécie norte-americana possa ter se originado a partir de linhagens ancestrais sul-americanas, ideia compatível com a proposta de dispersão de Arini para o norte durante o Mioceno (Padilla-Jacobo et al. 2025). No âmbito taxonômico, a recuperação de *C. carolinensis* dentro de *Aratinga* indica a necessidade de reavaliação do gênero monotípico *Conuropsis*. Embora as limitações amostrais impostas pela extinção da espécie possam dificultar análises mais aprofundadas.

Em *Pyrrhura*, nossa reconstrução filogenética e os altos valores de suporte reforçaram a coesão interna do grupo, como já relatado na literatura. Entretanto, os agrupamentos internos mostram-se bastante distintos do já documentado, apesar de *P. cruentata* em ambas as filogenias que foi incorporada, inclusive a nossa, ter sido recuperada como táxon mais basal dentro do clado (Ribas et al. 2006; Urantowka et al. 2016c; Padilla-Jacobo et al. 2025). Essa organização filogenética bem definida destoa do desvio observado em *P. emma* e *P. pfrimeri*, que não se agruparam com as demais *Pyrrhura*, mas com o grupo externo (fig. 6). Os altos valores de suporte desse agrupamento indicam que o resultado é possivelmente decorrente de inconsistência nas sequências utilizadas, indicando possível erro de deposição das bibliotecas no SRA.

A identificada estrutura interna dentro do clado *Pyrrhura*, cujos agrupamentos se organizaram em três distintos clados, corrobora o já documentado na literatura, que inclusive associou essa separação a eventos de diversificação ocorridos no final do Plioceno e início do Pleistoceno (Ribas et al. 2006; Padilla-Jacobo et al. 2025). Os agrupamentos observados, concordam com a proposta história biogeográfica do gênero, marcada por flutuações climáticas e conexões intermitentes entre biomas florestais e savânicos (Ribas et al. 2006). As relações identificadas na nossa reconstrução filogenética reforçam a hipótese de intercâmbio histórico entre Amazônia, Cerrado e Mata Atlântica (Ribas et al. 2006), com a recuperação de clados formados por espécies de ambos os biomas. *P. leucotis*, por exemplo, espécie de Mata Atlântica (Collar and Kirwan 2020a; Eitniear et al. 2020) apresentou proximidade evolutiva com espécies de ocorrência amazônica como *P. amazonum* (Del Hoyo et al. 2020).

4.2.2. Subfamília Arinae- Tribo Androglossini e Brotogerini

A identificação do clado bem definido da tribo Brotogerini, a qual compreende *Myiopsitta monachus* e o gênero *Brotogeris* (fig.8), corrobora a recente proposta de separação da mesma, anteriormente agrupada com Androglossini e concorda com a já descrita proximidade entre *Brotogeris* e *Myiopsitta* (Ribas et al. 2009; Smith et al. 2024).

A posição de *A. festiva* formando um clado com espécies de *Pyrilia* (fig. 9), distante das demais representantes de *Amazona*, contrasta com a esperada monofilia do gênero, indicando divergência filogenética pontual. Embora o clado formado apresente suporte máximo, a posição deste agrupamento na filogenia é sustentada por valor de suporte igual a 94, indicando ainda que baixa, incerteza na resolução dessa relação. Adicionalmente, a maior similaridade da sequência atribuída a *A. festiva* com espécies de *Amazona*, não corrobora afinidade com *Pyrilia*. O posicionamento recuperado pode refletir limitação dos marcadores mitogenômicos (Smith et al. 2023a) ou eventual inconsistência associada à identificação ou qualidade da biblioteca analisada. Dessa forma, a interpretação desse agrupamento requer melhor investigação, preferivelmente, com maior aporte de dados moleculares, visando esclarecer a real posição de *A. festiva* dentro de Arinae.

A recuperação de *Pyrilia barrabandi* e *Pyrilia caica* como grupos próximos ao gênero *Hapalopsittaca*, com suporte máximo, indica afinidade filogenética entre essas linhagens, apesar de sua posição distante das demais espécies de *Pyrilia*. Esse padrão é concordante com estudos prévios que já apontaram proximidade entre *Pyrilia* e *Hapalopsittaca* (Ribas et al. 2009). A interpretação desse resultado é limitada pela amostragem incompleta do gênero *Pyrilia*, uma vez que não foi possível recuperar mitogenomas de *P. pulchra* e *P. pyrilia*, nem incluir maior número de bibliotecas das demais espécies. Além disso, a literatura já reconheceu subdivisões internas em *Pyrilia*, baseadas em caracteres morfológicos e biogeográficos, levantando a possibilidade de que o gênero não seja estritamente monofilético (Ribas et al. 2009). Assim, embora parte do padrão recuperado seja compatível com estudos previamente documentados, sua confirmação depende de uma amostragem mais abrangente e da inclusão de mais dados moleculares.

4.2.3. Subfamília Arinae- Tribos Amoropsittacini e Touitini

Apesar da reconhecida proximidade filogenética entre os gêneros *Bolborhynchus*, *Nannopsittaca*, *Psilopsiagon* e *Touit*, tradicionalmente agrupados na tribo Amoropsittacini, a filogenia obtida (fig. 10) evidencia uma organização filogenética consistente com a proposta de reorganização deste grupos. A recuperação de dois clados bem sustentados, com *Touit* segregado dos demais gêneros, corrobora a reconfiguração proposta para o grupo, na qual este gênero é removido de Amoropsittacini, formando sozinho a tribo Touitini, com base em dados moleculares (Sangster et al. 2023b; Smith et al. 2024). No clado correspondente à Amoropsittacini, observamos a ausência de monofilia em *Bolborhynchus*. As espécies analisadas ocuparam posições em clados distintos e fortemente sustentados. *B. lineola* foi recuperada como mais próxima de *Nannopsittaca*, enquanto *B. orbynesius* se agrupou com *Psilopsiagon*. Esse arranjo sugere que as afinidades evolutivas dessas espécies estão mais associadas a outros gêneros da tribo do que entre si, o que indica que a classificação atual de *Bolborhynchus* pode não refletir adequadamente sua história evolutiva e proximidades filogenéticas.

O agrupamento na mesma posição, das duas amostras de *B. lineola*, com suporte máximo, reforça a robustez da nossa inferência e reduz a probabilidade de que o posicionamento recuperado seja resultado de artefatos metodológicos. A análise relacionando a filogenia e a distribuição geográfica dessas espécies, fornece

um contexto adicional para a interpretação desses agrupamentos. Há sobreposição espacial na distribuição geográfica entre as espécies de *Bolborhynchus*, *Psilopsiagon* e *Nannopsittaca*, que se distribuem pelo leste e norte da América do Sul (Collar and Boesman 2020a, b, c, d; Collar et al. 2020d; Soberanes-González et al. 2020). E ainda, existem semelhanças morfológicas entre elas, o que associadas à distribuição geográfica coincidente, pode representar um problema para a sistemática e dificultar a delimitação taxonômica dentro deste grupo. Historicamente as classificações taxonômicas de Psittaciformes se basearam em similaridades morfológicas, o que impossibilita a definição de características homólogas ou homoplásicas, bem como da definição de plesiomorfias e sinapomorfias (Sangster et al. 2023b; Smith et al. 2024). Sendo assim, há a possibilidade da necessidade de revisão taxonômica destes gêneros após melhor investigação a partir de um aporte maior de dados. Além disso, a ausência de *B. ferrugineifrons*, impede uma avaliação completa da monofilia do gênero.

4.2.4. Subfamília Arinae- Tribo Forpini

A recuperação de espécies de *Forpus* em posições distintas e distantes do clado principal do gênero, sugere alta afinidade dessas espécies de posicionamento inesperado, com os táxons aos quais se agruparam.

O posicionamento das duas amostras atribuídas a *F. modestus* em posições filogenéticas divergentes, sugere a presença de inconsistência na identificação de ao menos uma das bibliotecas analisadas. Enquanto *F. modestus* b foi recuperada no clado principal de *Forpus* (fig. 7), com alto suporte, a amostra *F. modestus* a, apresentou posicionamento dentro de *Psittacara* (fig. 5), exibindo afinidade com representantes da tribo Arini. A similaridade de aproximadamente 86% entre as amostras a e b, é inferior ao esperado para indivíduos da mesma espécie, indicando que as amostras não são do mesmo táxon. Há a possibilidade de erro de identificação da amostra da qual se originou a biblioteca utilizada, atribuída neste estudo à *F. modestus* a, assim como consideramos para *F. cyanopygius* (fig. 11) e *F. spengeli* (fig. 6), também de posicionamento divergente. Entretanto, estes posicionamentos requerem melhor investigação a fim de se compreender tais agrupamentos e analisar a hipótese de erro de posição das bibliotecas, considerando não apenas esse cenário, mas a possibilidade ainda, de revisão na classificação taxonômica destas espécies.

A recuperação das duas amostras atribuídas a *F. conspicillatus* como irmãs dentro do clado de *Amazona* (fig. 8), com suporte máximo, discorda do esperado. A alta similaridade genética entre as duas amostras indica que ambas representam o mesmo táxon. No entanto, a afinidade com espécies de *Amazona*, evidenciada tanto pela análise filogenética quanto pelas comparações BLAST, indica ser improvável que as bibliotecas depositadas atribuídas a *F. conspicillatus* correspondam a representantes do gênero *Forpus*. Entre as explicações possíveis, consideramos erro de identificação taxonômica ou no processamento das amostras ou dos dados, no processo entre a coleta e a submissão ao SRA. Embora essas hipóteses sejam pouco prováveis, uma vez que as amostras são provenientes de estudos e pesquisadores distintos e são morfologicamente distintas em coloração e tamanho (Collar and Boesman 2020e, 2023b; Collar et al. 2020a; Wade and Ghalambor 2020).

Consideramos ainda a possibilidade de que os espécimes tenham sido coletados em uma possível zona de hibridização entre espécies de *Amazona* e *F. conspicillatus*, visto que ambas possuem área de distribuição próximas, em uma região que compreende desde a América Central até o norte da América do Sul. Embora eventos de hibridização entre gêneros distintos sejam tradicionalmente considerados raros, há registros documentados desse tipo de ocorrência em aves, incluindo representantes da família Psittacidae, indicando que tais eventos, embora incomuns, não são biologicamente impossíveis (Hernández-Brito et al. 2021; Hingston 2022; Blom et al. 2024).

Ainda no mesmo contexto, estudo filogenético prévio sobre *Forpus* indica que a delimitação taxonômica e a amostragem exercem grande influência sobre as inferências evolutivas no gênero, visto que diferentes linhagens apresentam características genéticas associadas à distribuição geográfica e à história biogeográfica neotropical. Sendo assim, divergências filogenéticas relacionadas a amostras atribuídas a espécies de *Forpus*, podem refletir tanto problemas de identificação quanto a presença de diversidade ainda não reconhecida formalmente para o grupo (Smith et al. 2013). Assim, os agrupamentos inesperados de algumas amostras, devem ser interpretados com ressalvas, considerando não somente eventos biológicos, mas também, hipóteses relacionadas à identificação das amostras e à confiabilidade das bibliotecas depositadas. Logo, a resolução das relações evolutivas dentro de *Forpus* necessita de investigações adicionais.

4.2.5. Subfamília Psittacinae

A recuperação de *Psittacinae* como um clado bem suportado e distinto das linhagens neotropicais (fig. 11) concorda com inferências filogenéticas prévias que reconhecem a separação histórica entre os psitacídeos africanos e americanos, sustentando a hipótese de divergência antiga dentro de Psittaciformes (Wright et al. 2008; Schweizer et al. 2010). A estabilidade desse agrupamento observada em nossa filogenia, indica que o conjunto de genes mitocondriais concatenados utilizado fornece sinal filogenético suficiente para recuperar relações antigas como as aqui descritas.

A posição incomum de *A. jandaya* dentro do clado *Poicephalus*, é incompatível com a distribuição geográfica e a morfologia desses táxons, uma vez que *Aratinga* constitui uma linhagem neotropical distante dos papagaios africanos (Collar and Kirwan 2020b; Collar et al. 2020b). Assim, a explicação mais plausível, conforme discutido anteriormente, envolve inconsistência na identificação da biblioteca depositada no SRA. Desconsiderando essa incongruência, nossos resultados sustentam o provável monofiletismo de *Poicephalus*, assim como observado para *Psittacus*.

Internamente, a recuperação de três clados distintos em *Poicephalus*, todos bem suportados, sugere que esse padrão possa refletir eventos históricos de diversificação, distribuição geográfica e processos ecológicos, como já proposto para linhagens africanas de aves influenciadas por ciclos paleoclimáticos e dinâmica histórica dos habitats no continente (Fjeldså and Bowie 2008). Entretanto, a interpretação dessas relações internas ainda requer maior investigação, com maior amostragem integrando um aporte maior de dados moleculares, morfológicos e biogeográficos.

5. Conclusão

A ampliação da cobertura mitogenômica da família Psittacidae, representa um avanço relevante para a compreensão da evolução mitocondrial e das relações filogenéticas dos Psittaciformes. Os resultados evidenciam um padrão amplamente conservado de composição gênica mitocondrial, típico de vertebrados, coexistindo com uma diversidade estrutural significativa, marcada principalmente por duplicações recorrentes envolvendo a região controle e genes adjacentes. Esses

rearranjos, frequentemente explicados por mecanismos como “tandem duplication–random loss”, reforçam a ideia de que a arquitetura mitogenômica em Psittacidae pode resultar de um equilíbrio entre conservação funcional e flexibilidade estrutural.

As duplicações associadas à CR, a genes de tRNA e ao *ND6*, sugerem tolerância funcional a variações no número de cópias e evidenciam hipóteses sobre possíveis vantagens relacionadas à replicação mitocondrial, eficiência energética e adaptação fisiológica, embora os mecanismos subjacentes ainda demandem investigação mais aprofundada. Adicionalmente, a recorrência do frameshift no gene *ND3* confirma um padrão amplamente documentado em aves e reforça a importância de mecanismos compensatórios de recodificação translacional na manutenção da funcionalidade mitocondrial.

No contexto filogenético, a reconstrução baseada nos 12 PCGs recuperou agrupamentos bem suportados, contribuiu para elucidações de divergências e corroborou propostas taxonômicas recentes para alguns grupos, ao mesmo tempo em que revelou inconsistências relevantes em alguns gêneros. A exclusão do gene *ND6* resultou em uma árvore mais estável, com suportes altos e agrupamentos mais coerentes com padrões previamente reconhecidos, destacando o impacto de genes incompletos ou ausentes sobre a confiabilidade das inferências filogenéticas, resultando em ruído filogenético.

Agrupamentos não esperados e padrões complexos, como o observado em *Forpus*, destacam limitações associadas à amostragem incompleta, à identificação das bibliotecas disponíveis e ao uso exclusivo de dados mitogenômicos. Assim, os resultados reforçam a necessidade de outras abordagens, com maior cobertura taxonômica e a integração entre dados mitogenômicos e nucleares, para elucidar de forma mais consistente, as relações e história evolutiva da família Psittacidae, considerando que o DNA mitocondrial representa apenas parte da história evolutiva da linhagem materna, enquanto os marcadores nucleares fornecem uma visão mais abrangente da evolução do grupo.

Adicionalmente, ressaltamos as limitações relacionadas às ferramentas de montagem e recuperação de mitogenomas a partir de dados públicos, as quais nem sempre permitem a reconstrução completa de todas as bibliotecas disponíveis. A impossibilidade de recuperar mitogenomas de determinados táxons reduziu a representatividade de alguns gêneros e impôs restrições à avaliação de sua

monofilia e posicionamento filogenético. Nesse contexto, a ausência de dados para alguns grupos, reforça também a necessidade de atenção na interpretação dos resultados. Ainda, a detecção de inconsistências em sequências públicas, evidencia a necessidade de verificação rigorosa das informações antes de sua utilização e aplicação. Isso ressalta a importância de estudos futuros, como forma de aumentar a robustez das inferências evolutivas em Psittacidae.

Os dados obtidos ampliam substancialmente a base de informações moleculares disponível para Psittacidae, fortalecendo o entendimento das relações evolutivas e fornecendo subsídios para estudos futuros de diversidade, estrutura populacional e conservação. Em conjunto com informações ecológicas, demográficas, biogeográficas e nucleares, esses dados podem contribuir para a definição de estratégias mais robustas de manejo e conservação das espécies da família.

Acknowledgements

Agradecemos aos pesquisadores que disponibilizaram publicamente as bibliotecas de sequenciamento utilizadas neste estudo por meio do Sequence Read Archive (SRA/NCBI).

Funding

Este estudo contou com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), por meio de bolsa de estudo. Adicionalmente, o presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Data availability

Os scripts e dados utilizados e gerados neste estudo estão disponíveis no repositório Open Science Framework (OSF), em: <https://osf.io/u9vty/>

Declarations

Conflict of interest

The authors declare no conflict of interest.

Ethical approval

This study did not require ethical approval.

Referências

- Andreu-Sánchez S, Chen W, Stiller J, Zhang G (2021) Multiple origins of a frameshift insertion in a mitochondrial gene in birds and turtles. *GigaScience* 10:giaa161. <https://doi.org/10.1093/gigascience/giaa161>
- Blom MPK, Peona V, Prost S, et al (2024) Hybridization in birds-of-paradise: Widespread ancestral gene flow despite strong sexual selection in a lek-mating system. *iScience* 27:110300. <https://doi.org/10.1016/j.isci.2024.110300>
- Bocalini F, Silveira LF (2015) Morphological variability and taxonomy of the Blue-winged Parrotlet *Forpus xanthopterygius* (Psittacidae). *Rev Bras Ornitol* 23:64–75. <https://doi.org/10.1007/BF03544290>
- Burgio KR, Van Rees CB, Block KE, et al (2020) Monk Parakeet (*Myiopsitta monachus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Camacho C, Coulouris G, Avagyan V, et al (2009) BLAST+: architecture and applications. *BMC Bioinformatics* 10:421. <https://doi.org/10.1186/1471-2105-10-421>
- Chan PT, Espinosa-Chávez OJ, Matadamas RE, Sánchez-González LA (2024) Mexican Parrotlet (*Forpus cyanopygius*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Coelho LM, Da Silva IB, De Oliveira IHR, et al (2025) The complete mitochondrial genome of the ‘Extinct in the Wild’ Spix’s Macaw (*Cyanopsitta spixii*). *J Ornithol* 166:1021–1031. <https://doi.org/10.1007/s10336-025-02285-1>
- Collar N, Boesman PFD (2023a) Spectacled Parrotlet (*Forpus conspicillatus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD (2020a) Andean Parakeet (*Bolborhynchus orbygnesi*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD (2020b) Amazonian Parrotlet (*Nannopsittaca dachilleae*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD (2020c) Tepui Parrotlet (*Nannopsittaca panychlora*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD (2020d) Gray-hooded Parakeet (*Psilopsiagon aymara*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology

- Collar N, Boesman PFD (2020e) White-fronted Parrot (*Amazona albifrons*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD (2023b) Spectacled Parrotlet (*Forpus conspicillatus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD, Kirwan GM, Sharpe C (2020a) Cuban Parrot (*Amazona leucocephala*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Boesman PFD, Sharpe C, Kirwan GM (2020b) Jandaya Parakeet (*Aratinga jandaya*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Bonan A, Boesman PFD (2020c) Dusky-billed Parrotlet (*Forpus modestus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Del Hoyo J, Kirwan GM, Boesman PFD (2024) Cobalt-rumped Parrotlet (*Forpus xanthopterygius*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Kirwan GM (2020a) Senegal Parrot (*Poicephalus senegalus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Kirwan GM (2020b) Senegal Parrot (*Poicephalus senegalus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Collar N, Kirwan GM, Boesman PFD (2020d) Mountain Parakeet (*Psilopsiagon aurifrons*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Cui L, Dong Y, Cao R, et al (2020) Characterization of the Complete Mitochondrial Genome of *Arius dispar* (Siluriformes: Ariidae) and Phylogenetic Analysis Among Sea Catfishes. *J Ocean Univ China* 19:1198–1206. <https://doi.org/10.1007/s11802-020-4409-1>
- Del Hoyo J, Fjeldså J, Kirwan GM, Collar N (2020) Santarem Parakeet (*Pyrrhura amazonum*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Dierckxsens N, Mardulyn P, Smits G (2016) NOVOPlasty: *de novo* assembly of organelle genomes from whole genome data. *Nucleic Acids Res* gkw955. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw955>
- Donath A, Jühling F, Al-Arab M, et al (2019) Improved annotation of protein-coding genes boundaries in metazoan mitochondrial genomes. *Nucleic Acids Res* 47:10543–10552. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz833>

- Eberhard JR, Wright TF (2016a) Rearrangement and evolution of mitochondrial genomes in parrots. *Mol Phylogenet Evol* 94:34–46. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.08.011>
- Eberhard JR, Wright TF (2016b) Rearrangement and evolution of mitochondrial genomes in parrots. *Mol Phylogenet Evol* 94:34–46. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.08.011>
- Eitniear JC, Collar N, Sharpe C, Boesman PFD (2020) Green Parakeet (*Psittacara holochlorus*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) *Birds of the World*. Cornell Lab of Ornithology
- Fjeldså J, Bowie RCK (2008) New perspectives on the origin and diversification of Africa's forest avifauna. *Afr J Ecol* 46:235–247. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2028.2008.00992.x>
- Greiner S, Lehwarck P, Bock R (2019) OrganellarGenomeDRAW (OGDRAW) version 1.3.1: expanded toolkit for the graphical visualization of organellar genomes. *Nucleic Acids Res* 47:W59–W64. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz238>
- Hains T, Pirro S, O'Neill K, et al (2022) The Complete Genome Sequences of 94 Species of Parrots (Psittaciformes, Aves). *Biodivers Genomes*. <https://doi.org/10.56179/001c.40338>
- Hanna ZR, Henderson JB, Sellas AB, et al (2017) Complete mitochondrial genome sequences of the northern spotted owl (*Strix occidentalis caurina*) and the barred owl (*Strix varia* ; Aves: Strigiformes: Strigidae) confirm the presence of a duplicated control region. *PeerJ* 5:e3901. <https://doi.org/10.7717/peerj.3901>
- Hartmann T, Chu A-C, Middendorf M, Bernt M (2018) Combinatorics of Tandem Duplication Random Loss Mutations on Circular Genomes. *IEEE/ACM Trans Comput Biol Bioinform* 15:83–95. <https://doi.org/10.1109/TCBB.2016.2613522>
- Hernández-Brito D, Tella JL, Carrete M, Blanco G (2021) Successful hybridization between non-congeneric parrots in a small introduced population. *Ibis* 163:1093–1098. <https://doi.org/10.1111/ibi.12936>
- Hernández-Fernández J, Otálora K (2018) Complete mitochondrial genome of the nesting Colombian Caribbean loggerhead turtle: first approach of tRNAs and phylogenetic analysis. *Univ Sci* 23:355–381. <https://doi.org/10.11144/Javeriana.SC23-3.ccc1>
- Hingston AB (2022) Hybridization between wild non-congeneric parrots may be more common than previously thought. *Ibis* 164:603–605. <https://doi.org/10.1111/ibi.13004>
- IUCN (2021) *Psittacara labati*: BirdLife International: The IUCN Red List of Threatened Species 2021: e.T22728696A194926140
- IUCN (2025) *Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da IUCN*

- Jin J-J, Yu W-B, Yang J-B, et al (2020) GetOrganelle: a fast and versatile toolkit for accurate de novo assembly of organelle genomes. *Genome Biol* 21:241. <https://doi.org/10.1186/s13059-020-02154-5>
- Kim J-I, Do TD, Choi Y, et al (2021) Characterization and Comparative Analysis of Complete Mitogenomes of Three Cacatua Parrots (Psittaciformes: Cacatuidae). *Genes* 12:209. <https://doi.org/10.3390/genes12020209>
- Kirchman JJ, Schirtzinger EE, Wright TF (2012) Phylogenetic relationships of the extinct Carolina Parakeet (*Conuropsis carolinensis*) inferred from DNA sequence data. *The Auk* 129:197–204. <https://doi.org/10.1525/auk.2012.11259>
- Letunic I, Bork P (2021) Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. *Nucleic Acids Res* 49:W293–W296. <https://doi.org/10.1093/nar/gkab301>
- Lima NCB, Soares AER, Almeida LGDP, et al (2018) Comparative mitogenomic analyses of Amazona parrots and Psittaciformes. *Genet Mol Biol* 41:593–604. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2017-0023>
- Liu D, He J, Xie C (2021) Complete mitochondrial genome sequence of the northern red-shouldered macaw (*Diopsittaca nobilis*). *Mitochondrial DNA Part B* 6:95–96. <https://doi.org/10.1080/23802359.2020.1847610>
- Liu D-W, Pan Y, Zhou Y-W, Hou S-L (2019a) Complete mitochondrial genome sequence of nanday conure, *Aratinga nenday* (Psittaciformes: Psittacidae). *Mitochondrial DNA Part B* 4:3348–3349. <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1673253>
- Liu H, Yang Y, Xu N, et al (2019b) Characterization and comparison of complete mitogenomes of three parrot species (Psittaciformes: Psittacidae). *Mitochondrial DNA Part B* 4:1851–1852. <https://doi.org/10.1080/23802359.2019.1613187>
- Lugarini C, Vercillo U, Purchase C, et al (2021) A conservação da Ararinha-azul, *Cyanopsitta spixii* (Wagler, 1832): desafios e conquistas. *Biodiversidade Bras* 11:. <https://doi.org/10.37002/biobrasil.v11i3.1746>
- Meng G, Li Y, Yang C, Liu S (2019) MitoZ: a toolkit for animal mitochondrial genome assembly, annotation and visualization. *Nucleic Acids Res* 47:e63–e63. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz173>
- Mindell DP, Sorenson MD, Dimcheff DE (1998) An Extra Nucleotide is not Translated in Mitochondrial ND3 of Some Birds and Turtles. *Mol Biol Evol* 15:1568–1571. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a025884>
- Minh BQ, Nguyen MAT, Von Haeseler A (2013) Ultrafast Approximation for Phylogenetic Bootstrap. *Mol Biol Evol* 30:1188–1195. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst024>

- Minh BQ, Schmidt HA, Chernomor O, et al (2020) IQ-TREE 2: New Models and Efficient Methods for Phylogenetic Inference in the Genomic Era. *Mol Biol Evol* 37:1530–1534. <https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015>
- Pacheco JF, Silveira LF, Aleixo A, et al (2021) Annotated checklist of the birds of Brazil by the Brazilian Ornithological Records Committee—second edition. *Ornithol Res* 29:94–105. <https://doi.org/10.1007/s43388-021-00058-x>
- Pacheco MA, Battistuzzi FU, Lentino M, et al (2011a) Evolution of Modern Birds Revealed by Mitogenomics: Timing the Radiation and Origin of Major Orders. *Mol Biol Evol* 28:1927–1942. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr014>
- Pacheco MA, Battistuzzi FU, Lentino M, et al (2011b) Evolution of Modern Birds Revealed by Mitogenomics: Timing the Radiation and Origin of Major Orders. *Mol Biol Evol* 28:1927–1942. <https://doi.org/10.1093/molbev/msr014>
- Padilla-Jacobo G, Monterrubio-Rico TC, Cano-Camacho H, Zavala-Páramo MG (2025) Origin and Diversification of the Genera *Aratinga*, *Eupsittula*, and *Psittacara* (Aves: Psittacidae). *Diversity* 17:155. <https://doi.org/10.3390/d17030155>
- Provost KL, Joseph L, Smith BT (2018) Resolving a phylogenetic hypothesis for parrots: implications from systematics to conservation. *Emu - Austral Ornithol* 118:7–21. <https://doi.org/10.1080/01584197.2017.1387030>
- Remsen JJrV, Schirtzinger EE, Ferraroni A, et al (2013) DNA-sequence data require revision of the parrot genus *Aratinga* (Aves: Psittacidae). *Zootaxa* 3641:1. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.3641.3.9>
- Ribas CC, Joseph L, Miyaki CY (2006) Molecular Systematics and Patterns of Diversification in *Pyrrhura* (Psittacidae), with Special Reference to the *Picta-Leucotis* Complex. *The Auk* 123:660–680. <https://doi.org/10.1093/auk/123.3.660>
- Ribas CC, Miyaki CY, Cracraft J (2009) Phylogenetic relationships, diversification and biogeography in Neotropical *Brotogeris* parakeets. *J Biogeogr* 36:1712–1729. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2009.02131.x>
- Russell RD, Beckenbach AT (2008) Recoding of Translation in Turtle Mitochondrial Genomes: Programmed Frameshift Mutations and Evidence of a Modified Genetic Code. *J Mol Evol* 67:682–695. <https://doi.org/10.1007/s00239-008-9179-0>
- San Mauro D, Gower DJ, Zardoya R, Wilkinson M (2006) A Hotspot of Gene Order Rearrangement by Tandem Duplication and Random Loss in the Vertebrate Mitochondrial Genome. *Mol Biol Evol* 23:227–234. <https://doi.org/10.1093/molbev/msj025>
- Sangster G, Gregory SMS, Dickinson EC (2023a) Forpini and Tuitini, two new family-group names for Neotropical parrotlets and parakeets (Psittaciformes: Arinae)

- Sangster G, Gregory SMS, Dickinson EC (2023b) Forpini and Touitini, two new family-group names for Neotropical parrotlets and parakeets (Psittaciformes: Arinae)
- Sarker S, Das S, Ghorashi SA, et al (2018) The first complete mitogenome of red-bellied parrot (*Poicephalus rufiventris*) resolves phylogenetic status within Psittacidae. Mitochondrial DNA Part B 3:195–197. <https://doi.org/10.1080/23802359.2018.1437818>
- Schirtzinger EE, Tavares ES, Gonzales LA, et al (2012) Multiple independent origins of mitochondrial control region duplications in the order Psittaciformes. Mol Phylogenet Evol 64:342–356. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2012.04.009>
- Schweizer M, Seehausen O, Güntert M, Hertwig ST (2010) The evolutionary diversification of parrots supports a taxon pulse model with multiple trans-oceanic dispersal events and local radiations. Mol Phylogenet Evol 54:984–994. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.08.021>
- Selvatti AP, Galvão A, Mayr G, et al (2022) Southern hemisphere tectonics in the Cenozoic shaped the pantropical distribution of parrots and passerines. J Biogeogr 49:1753–1766. <https://doi.org/10.1111/jbi.14466>
- Smith BT, Merwin J, Provost KL, et al (2023a) Phylogenomic Analysis of the Parrots of the World Distinguishes Artifactual from Biological Sources of Gene Tree Discordance. Syst Biol 72:228–241. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syac055>
- Smith BT, Merwin J, Provost KL, et al (2023b) Phylogenomic Analysis of the Parrots of the World Distinguishes Artifactual from Biological Sources of Gene Tree Discordance. Syst Biol 72:228–241. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syac055>
- Smith BT, Ribas CC, Whitney BM, et al (2013) Identifying biases at different spatial and temporal scales of diversification: a case study in the Neotropical parrotlet genus *Forpus*. Mol Ecol 22:483–494. <https://doi.org/10.1111/mec.12118>
- Smith BT, Thom G, Joseph L (2024) Revised Evolutionary and Taxonomic Synthesis for Parrots (Order: Psittaciformes) Guided by Phylogenomic Analysis. Bull Am Mus Nat Hist 2024:.. <https://doi.org/10.1206/0003-0090.468.1.1>
- Soares AER, Novak BJ, Haile J, et al (2016) Complete mitochondrial genomes of living and extinct pigeons revise the timing of the columbiform radiation. BMC Evol Biol 16:230. <https://doi.org/10.1186/s12862-016-0800-3>
- Soberanes-González CA, Rodríguez-Flores CI, Arizmendi MDC, Schulenberg TS (2020) Barred Parakeet (*Bolborhynchus lineola*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Tamura K, Stecher G, Kumar S (2021) MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. Mol Biol Evol 38:3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>

- Urantowka AD (2016a) Complete mitochondrial genome of Red-bellied Macaw (*Orthopsittaca manilata*): its comparison with mitogenome of Blue-throated Macaw (*Ara glaucogularis*). Mitochondrial DNA Part A 27:2110–2111. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.982580>
- Urantowka AD (2016b) Complete mitochondrial genome of Blue-headed Macaw (*Primolius couloni*): its comparison with mitogenome of Blue-throated Macaw (*Ara glaucogularis*). Mitochondrial DNA Part A 27:2106–2107. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.982578>
- Urantowka AD, Grabowski KA, Strzała T (2013a) Complete mitochondrial genome of Blue-crowned Parakeet (*Aratinga acuticaudata*)—phylogenetic position of the species among parrots group called Conures. Mitochondrial DNA 24:336–338. <https://doi.org/10.3109/19401736.2012.760080>
- Urantowka AD, Hajduk K, Kosowska B (2013b) Complete mitochondrial genome of endangered Yellow-shouldered Amazon (*Amazona barbadensis*): Two control region copies in parrot species of the *Amazona* genus. Mitochondrial DNA 24:411–413. <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.766177>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2017a) The complete mitochondrial genome of red-fronted parrot (*Poicephalus gulielmi*) revealed a new gene rearrangement within the order *Psittaciformes*. Mitochondrial DNA Part B 2:833–835. <https://doi.org/10.1080/23802359.2017.1407691>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2017b) Complete mitochondrial genome of chestnut-fronted macaw (*Ara severus* , *Psittaciformes*). Mitochondrial DNA Part B 2:35–36. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1250131>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2017c) Complete mitochondrial genome of bronze-winged parrot (*Pionus chalcopterus chalcopterus* , *Psittaciformes*). Mitochondrial DNA Part B 2:744–746. <https://doi.org/10.1080/23802359.2017.1390404>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2017d) The complete mitochondrial genome of red-fronted parrot (*Poicephalus gulielmi*) revealed a new gene rearrangement within the order *Psittaciformes*. Mitochondrial DNA Part B 2:833–835. <https://doi.org/10.1080/23802359.2017.1407691>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2020a) New view on the organization and evolution of Palaeognathae mitogenomes poses the question on the ancestral gene rearrangement in Aves. BMC Genomics 21:874. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07284-5>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2020b) New view on the organization and evolution of Palaeognathae mitogenomes poses the question on the ancestral gene rearrangement in Aves. BMC Genomics 21:874. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07284-5>
- Urantowska AD, Krocak A, Mackiewicz P (2017e) The complete mitochondrial genome of red-fronted parrot (*Poicephalus gulielmi*) revealed a new gene

- rearrangement within the order *Psittaciformes*. Mitochondrial DNA Part B 2:833–835. <https://doi.org/10.1080/23802359.2017.1407691>
- Urantowka AD, Krocak A, Silva T, et al (2018a) New insight into parrots' mitogenomes indicates that their ancestor contained a duplicated region. Mol Biol Evol. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy189>
- Urantowka AD, Krocak A, Silva T, et al (2018b) New insight into parrots' mitogenomes indicates that their ancestor contained a duplicated region. Mol Biol Evol. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy189>
- Urantowka AD, Krocak AM, Strzała T (2014a) Complete mitochondrial genome of endangered Socorro Conure (*Aratinga brevipes*) – taxonomic position of the species and its relationship with Green Conure. Mitochondrial DNA 25:365–367. <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.803095>
- Urantowka AD, Mackiewicz P (2017) Complete mitochondrial genome of Blue-winged Macaw (*Primolius maracana*). Mitochondrial DNA Part A 28:275–276. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1118077>
- Urantowska AD, Mackiewicz P (2016a) Complete mitochondrial genome of white-eyed parakeet (*Psittacara leucophthalmus*): the basal species to other *Psittacara*. Mitochondrial DNA Part B 1:895–897. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1258344>
- Urantowska AD, Mackiewicz P (2016b) The first complete mitochondrial genome sequence from the blue-headed parrot (*Pionus menstruus menstruus*): a representative for the genus. Mitochondrial DNA Part B 1:891–892. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1258341>
- Urantowka AD, Mackiewicz P, Krocak A, Strzała T (2016a) Complete mitochondrial genome of Red-throated Conure (*Psittacara rubritorquis*): its comparison with mitogenome of Socorro Conure (*Psittacara brevipes*). Mitochondrial DNA Part A 27:3354–3355. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1018218>
- Urantowka AD, Mackiewicz P, Strzała T (2017a) Complete mitochondrial genome of Blue-and-yellow Macaw (*Ara ararauna*): the species morphologically similar to Blue-throated Macaw (*Ara glaucogularis*). Mitochondrial DNA Part A 28:307–308. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1118090>
- Urantowka AD, Mackiewicz P, Strzała T (2017b) Complete mitochondrial genome of Blue-and-yellow Macaw (*Ara ararauna*): the species morphologically similar to Blue-throated Macaw (*Ara glaucogularis*). Mitochondrial DNA Part A 28:307–308. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1118090>
- Urantowka AD, Mackiewicz P, Strzała T (2016b) Complete mitochondrial genome of Mitred Conure (*Psittacara mitratus*): its comparison with mitogenome of Socorro Conure (*Psittacara brevipes*). Mitochondrial DNA Part A 27:3363–3364. <https://doi.org/10.3109/19401736.2015.1018222>
- Urantowka AD, Strzała T, Grabowski KA (2016c) The first complete mitochondrial genome of *Pyrrhura* sp. – question about conspecificity in the light of

- hybridization between *Pyrrhura molinae* and *Pyrrhura rupicola* species. Mitochondrial DNA Part A 27:471–473. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.900672>
- Urantowka AD, Strzała T, Grabowski KA (2014b) Complete mitochondrial genome of endangered Maroon-fronted Parrot (*Rhynchopsitta terrisi*) – conspecific relation of the species with Thick-billed Parrot (*Rhynchopsitta pachyrhyncha*). Mitochondrial DNA 25:424–426. <https://doi.org/10.3109/19401736.2013.809440>
- Urantowka AD, Strzała T, Krocak A, Mackiewicz P (2016d) The first complete genome of ‘true’ *Aratinga* genus in comparison to mitogenomes of other parrots from *Arini* tribe. Mitochondrial DNA Part B 1:853–855. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1250130>
- Urantówka AD, Strzała T, Mackiewicz P (2017f) Complete mitochondrial genome of golden conure (*Guaruba guarouba*). Mitochondrial DNA Part B 2:33–34. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1247670>
- Vences M, Patmanidis S, Kharchev V, Renner SS (2022) Concatenator, a user-friendly program to concatenate DNA sequences, implementing graphical user interfaces for MAFFT and FastTree. Bioinforma Adv 2:vbac050. <https://doi.org/10.1093/bioadv/vbac050>
- Wade M, Ghalambor CK (2020) Yellow-lored Parrot (*Amazona xantholora*). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Wang Z, Wang Z, Shi X, et al (2018) Complete mitochondrial genome of *Parasesarma affine* (Brachyura: Sesarmidae): Gene rearrangements in Sesarmidae and phylogenetic analysis of the Brachyura. Int J Biol Macromol 118:31–40. <https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2018.06.056>
- Winkler DW, Billerman SM, Lovette IJ (2020) New World and African Parrots (Psittacidae). In: Billerman SM, Keeney BK, Rodewald PG, Schulenberg TS (eds) Birds of the World. Cornell Lab of Ornithology
- Wright TF, Schirtzinger EE, Matsumoto T, et al (2008) A Multilocus Molecular Phylogeny of the Parrots (Psittaciformes): Support for a Gondwanan Origin during the Cretaceous. Mol Biol Evol 25:2141–2156. <https://doi.org/10.1093/molbev/msn160>
- Xia Y, Zheng Y, Miura I, et al (2014) The evolution of mitochondrial genomes in modern frogs (Neobatrachia): nonadaptive evolution of mitochondrial genome reorganization. BMC Genomics 15:691. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-691>
- Yan C, Mou B, Meng Y, et al (2017) A novel mitochondrial genome of *Arborophila* and new insight into *Arborophila* evolutionary history. PLOS ONE 12:e0181649. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0181649>

- Ye S, Lehmann J (2022) Genetic code degeneracy is established by the decoding center of the ribosome. *Nucleic Acids Res* 50:4113–4126. <https://doi.org/10.1093/nar/gkac171>
- Zou Y, Jing M, Bi X, et al (2015) The complete mitochondrial genome sequence of the little egret (*Egretta garzetta*). *Genet Mol Biol* 38:162–172. <https://doi.org/10.1590/S1415-4757382220140203>