

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E
EVOLUÇÃO

SELEÇÃO DE ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA
CONSERVAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA
PARA ALVOS MÚLTIPLOS

GABRIELA CRISTINA CANTISANI PADUA

GOIÂNIA – GO
2008

UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
INSTITUTO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM ECOLOGIA E
EVOLUÇÃO

SELEÇÃO DE ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA
CONSERVAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA
PARA ALVOS MÚLTIPLOS

GABRIELA CRISTINA CANTISANI PADUA

Orientador: Prof. Dr. José Alexandre Felizola Diniz-Filho

Dissertação apresentada ao
Instituto de Ciências Biológicas
da Universidade Federal de
Goiás, como parte dos requisitos
para obtenção do título de mestre
em Ecologia e Evolução.

GOIÂNIA – GO
2008

Agradecimentos

Agradeço aos meus pais por desde sempre terem apoiado meu processo de crescimento educativo. Por terem agüentado as crises de mau humor e esclarecido inúmeras dúvidas “existenciais” da carreira acadêmica. Por serem tão bons exemplos.

Aos amigos todos que entenderam minhas ausências, aturaram minhas manias e ouviram, pacientemente, minhas explicações sobre evolução e conservação durante jogos de sinuca.

Ao José Alexandre, por estar sempre disponível, esclarecendo, dando idéias e tornando possível este trabalho. Pelas aulas maravilhosas!

Aos colegas do Laboratório de Ecologia Teórica e Síntese, que me receberam tão bem e me ajudaram sempre, sempre!

Ao programa de Pós-Graduação em Ecologia e Evolução da UFG.

Ao CNPq que financiou minha jornada.

Sumário

Lista de Figuras.....	1
Lista de Tabelas	3
Resumo.....	4
Abstract	5
Introdução.....	6
Material e Métodos	13
Resultados e Discussão	23
Conclusão	51
Referências Bibliográficas	52

Lista de Figuras

Figura 1: Mapa do Novo Mundo (A), onde 4220 quadículas foram sobrepostas à área equivalente (B), sobre as quais as extensões de ocorrência das 70 espécies de mamíferos carnívoros foram mapeadas (C). A extensão de ocorrência original é representada por todas as cores. Posterior à subdivisão, cada cor representa uma subdivisão genética, e conseqüentemente passa a ser uma meta de conservação independente. A extensão de ocorrência de cada espécie é então representada numa matriz binária de presença/ausência.	13
Figura 3: Mapas de insubstituibilidade a matriz S quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	25
Figura 4: Mapas de insubstituibilidade a matriz Ss quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	26
Figura 5: Mapa de insubstituibilidade para a matriz binária Ts quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie.	27
Figura 6: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie.	29
Figura 7: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	30
Figura 8: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ss quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	31
Figura 9: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ts quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie.	32
Figura 10: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie.	33
Figura 11: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	34
Figura 12: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ss quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.	35
Figura 14: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie.	37
Figura 15: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie ou subespécie.	38

Figura 16: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S_s quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie ou subespécie.	39
Figura 17: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T_s quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie.	40
Figura 18: Padrão espacial da solução gerada para a matriz T quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 500 indivíduos.	45
Figura 19: Padrão espacial da solução gerada para a matriz S quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 500 indivíduos.	46
Figura 20: Padrão espacial da solução gerada para a matriz T quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 1000 indivíduos.	47
Figura 21: Padrão espacial da solução gerada para a matriz S quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 1000 indivíduos.	48

Lista de Tabelas

Tabela 1: Famílias e espécies de Carnívoros terrestres do Novo Mundo utilizadas neste trabalho, com a respectiva massa corporal média em quilogramas.	14
Tabela 2: Relação dos artigos encontrados para subdivisão das espécies e artigos utilizados para subdivisão genética.	18
Tabela 3: Representatividade da matriz T em relação à matriz S, considerando PMVs de 500 e 1000 indivíduos por população selecionada. A média e desvio padrão são referentes às 100 redes analisadas.	41
Tabela 4: Representatividade da matriz T em relação à matriz S, considerando PMVs de 500 e 1000 indivíduos por população selecionada. A média e desvio padrão são referentes às 83 espécies analisadas.	43

Resumo

A perda de espécies tem alta e acelerada taxa em todos os continentes, causada, por alguns fatores, como intensificação da agricultura e o crescimento das cidades. A principal consequência disso é a redução da paisagem, resultando na fragmentação de habitats e gerando grandes impactos negativos para a biodiversidade. Por isso a priorização de áreas para a conservação da biodiversidade se faz essencial. A seleção destas áreas deve ser elaborada de maneira eficiente, protegendo todos os alvos de conservação com o menor custo possível. Com intuito de direcionar o foco da conservação na persistência evolutiva dos alvos, dados sobre variação genética das espécies foram utilizados de modo a tentar capturar a diversidade adaptativa de cada espécie. Para tal, dados da estrutura genética populacional de 70 espécies de mamíferos carnívoros terrestres do “Novo Mundo” foram incorporados à base de dados de distribuição geográfica destas mesmas espécies. Os dados da estrutura genética destas populações foram obtidos através de revisão bibliográfica. Através do site *Thomson Institute* ou *Institute for Scientific Information* foram encontrados 703 artigos referentes à estrutura genética da população das 70 espécies consideradas para o estudo. Porém apenas 24 artigos continham dados relevantes para a subdivisão genética de acordo com a variação gênica das populações das espécies. Com estes dados, foram gerados mapas de insubstituibilidade, e estes analisados de acordo com a localização espacial das células insubstituíveis. Os resultados obtidos demonstraram que, quando utilizados, os dados de variabilidade genética, mudam a configuração espacial e localização das áreas prioritárias. O que leva a concluir que são de fato importantes e relevantes quando associados aos dados de distribuição geográfica. Demonstra-se que a incorporação de dados sobre diversidade genética pode melhorar a representação da biodiversidade, e sob certos pressupostos, aumentar a persistência evolutiva dos alvos de conservação.

Abstract

Rapid urban development, due to population and economic growth, results in large-scale changes in landscape. As a consequence, there is a massive extinction of species. That's why identifying networks of important areas for conserving biodiversity is important and should provide a better currency for biodiversity conservation than just keep species in isolated areas. Until recently, the methods for identifying networks for biodiversity conservation have not deal explicitly and directly with the goal of evolutionary persistence of species. Trying to achieve the adaptative diversity of each specie, data about the genetic variation of species has been incorporated into the broad-scale reserve network model. Populational genetic structure and geographic range size of multiple species data were used in a reserve network plan and compared with a reserve plan that uses only ecological data such as geographic range size. The genetic variation was determined based on papers found at *Institute for Scientific Information (ISI)*. It has been shown that when used, genetic variability data, change the location of the spatial configuration of important areas for biodiversity conservation. Concluding that genetic information is important and relevant when associated with geographical distribution, what can improve species evolutionary persistence.

Introdução

A intensificação da agricultura e o crescimento das cidades tiveram como consequência a redução dramática da paisagem, resultando na fragmentação de habitats, o que gerou grandes impactos negativos para a biodiversidade (Pywell *et al.*, 2002; Robinson & Sutherland, 2002). A perda de biodiversidade e a melhor maneira de corrigir ou amenizar os efeitos negativos gerados é tema recorrente de discussão em todos continentes (Whittaker *et al.*, 2005).

A prática de preservar a biodiversidade em áreas prioritárias para conservação não tem sido feita de forma sistematizada e novas reservas biológicas têm sido alocadas em regiões que não contribuem para a representação das espécies. Uma das maneiras eficientes de preservar a biodiversidade é manter populações auto-sustentáveis de espécies nativas em seus ecossistemas naturais, isolando tais populações dos processos que podem ameaçar sua persistência (Margules e Pressey, 2000; Rodrigues & Gaston, 2001). O fato é que uma reserva impede, ou diminui significativamente, a retirada de recursos naturais da área escolhida. Consequentemente as implicações políticas e econômicas podem se tornar sérios entraves que dificultam a alocação de uma reserva. Como resultado, estas tendem a se concentrar em locais remotos ou áreas economicamente improdutivas, o que significa que espécies presentes em áreas de grande importância econômica não são preservadas (Margules & Pressey, 2000; Polasky *et al.*, 2000). Além disso, os recursos destinados à conservação são escassos (Csuti, *et al.*, 1996). Por tais razões, a seleção de reservas biológicas para proteção da vida silvestre deve ser elaborada de maneira eficiente, protegendo todos os alvos de conservação (no caso, as espécies selecionadas de cada área de estudo) com o menor

custo possível (definido, na maioria das vezes, como o número mínimo de áreas; Lawler *et al.*; 2003).

Para que o planejamento de reservas seja eficiente, dois objetivos principais devem ser alcançados: primeiro a representatividade – refere-se à necessidade de amostrar a máxima variedade possível de biodiversidade, preferencialmente em todos os níveis de organização; segundo a persistência – uma vez que a biodiversidade esteja estabelecida, as reservas devem garantir sobrevivência em longo prazo para as espécies ali representadas (Margules & Pressey, 2000).

Para auxiliar na otimização do processo de escolha de redes de reserva, algoritmos para seleção de áreas foram desenvolvidos a partir da década de 80, selecionando áreas com o máximo de representação de biodiversidade pelo menor custo (Church *et al.*, 1996; Pressey *et al.*, 1997; Margules & Pressey, 2000; Cabeza & Moilanen, 2001; Williams *et al.*, 2004). Esses algoritmos heurísticos iterativos estão baseados no conceito de complementaridade (Araújo & Williams, 2000. Csuti *et al.*, 1997; Howard *et al.*, 1998). Em um sistema com várias áreas, a complementaridade refere-se a quanto uma área é diferente da outra em termos de composição de espécies, ou seja, a importância de uma área para representação de espécies que não foram previamente representadas, maximizando assim a representação da biodiversidade considerando-se recursos limitados (Pressey *et al.*, 1993; Rodrigues & Gaston, 2001). Estudos envolvendo a aplicação de tal método geralmente utilizam dados da riqueza de espécies como indicadores para a diversidade biológica como um todo, aumentando a abrangência do que será protegido na área escolhida (*e.g.* Howard *et al.*, 1998). Entretanto mesmo assumindo que dados de riqueza sejam comumente utilizados e

considerados importantes na escolha de áreas prioritárias para conservação, nenhum dos estudos é baseado unicamente nesse tipo de dado. Já que tais dados são sobre a quantidade geral de espécies numa dada localidade, ao invés de valorizar espécies em menor quantidade ou endêmicas que precisariam de maior atenção em se tratando de conservação (Brooks *et al.*, 2006).

Na maioria das aplicações práticas, quando dados de riqueza não estão disponíveis, uma opção é utilizar dados da vegetação obtidos por sensoriamento remoto (como visto em Brooks, 2004). Há considerável discussão sobre como e quais dados devem ser considerados no planejamento de áreas prioritárias de conservação para obtenção de reservas mais eficientes. Dados de riqueza nem sempre representam uma boa medida da biodiversidade, já que ao utilizá-los assumimos que todas as espécies possuem, *a priori*, a mesma importância como alvos de conservação (May, 1990; Vane-Wright *et al.*, 1991). A extinção de uma espécie endêmica representaria uma perda evolutiva muito maior do que a extinção de qualquer outra espécie com mais populações existentes em outras regiões (May, 1990; Vane-Wright *et al.*, 1991). Além disso, dados sobre riqueza de espécies dependem fundamentalmente da taxonomia, que nem sempre representa de forma completa as variações genéticas e evolutivas dentro de uma espécie. Essas informações dependem do conceito de espécie e não são medidas estáveis ou confiáveis (Mace *et al.*, 2003; Isaac *et al.*, 2004.). Um dos sinais de progresso na discussão sobre dados utilizados para o planejamento de reservas vem da sugestão de que o foco de preservação, no nível de espécie, deveria estar na informação contida no DNA das espécies (Crozier, 1997). Até agora as abordagens utilizadas têm como prioridade a amostragem das espécies de forma geral sem considerar que cada uma dessas espécies é geneticamente variada intraespecificamente.

Espécies dentro de uma mesma população ou espécies de populações situadas bem próximas podem variar em características fisiológicas ou morfológicas. A variação genética intra e interespecífica é evidenciada há muito tempo com base em estudos morfológicos. Com as técnicas de eletroforese de enzimas, e logo depois várias ferramentas biomoleculares, foi possível estimar o grau no qual as populações realmente divergem nas frequências alélicas (Futuyma, 2003). A similaridade ou diferença genética entre populações é expressa por índices – Índice de Nei da similaridade genética, Índice de Roger da similaridade genética (Futuyma, 2003).

Uma mesma espécie dividida em diferentes populações que se adaptam em ambientes similares apresenta fenótipos praticamente idênticos, porém as bases genéticas são diferentes de uma população para outra (Cohan, 1984). As barreiras geográficas também geram variação genética entre espécies. Geralmente quanto maior a distância entre as populações, maior será a diferença em relação a frequências alélicas e características fenotípicas de base genética (Futuyma, 2003).

Quando a diversidade genética (representada por alelos diferentes) de cada espécie estudada também é considerada uma meta de conservação novos métodos precisam ser desenvolvidos. Com essa nova abordagem, mudando os alvos de conservação para a diversidade genética, poderíamos pensar também na persistência das espécies em longo prazo. Considerando que uma maior diversidade genética dentro de uma mesma espécie poderia aumentar as chances de persistência a respeito de adaptações a futuras mudanças ambientais. E, de certa forma, gerar reservas evolutivas.

Com base nessa discussão, a distinção das populações em unidades evolutivamente significantes (*evolutionary significant unit* [ESU]) é uma das

metodologias que têm sido utilizadas na biologia da conservação para definição de prioridades para conservação. As ESU são unidades populacionais que devem ser preservadas de modo independente, já que possuem histórias evolutivas distintas. O conceito de ESU tem sido modificado durante os últimos 15 anos, e com a sofisticação das técnicas de genética e biologia molecular (Sunnucks, 2000), o foco tem sido colocado nos padrões evolutivos de variação entre espécies e populações (Moritz, 1994; Crozier, 1997; Crandall *et al.*, 2000). Moritz (1994) sugeriu que ESUs podem ser identificadas geneticamente como grupos cujas linhagens de DNA mitocondrial [mtDNA] são monofiléticas, o que significa que a linhagem dentro de cada grupo compartilha ancestrais comuns mais recentes se comparada com linhagens de qualquer outro grupo da espécie.

Espécies raras, endêmicas ou ameaçadas de extinção e distribuição geográfica restrita normalmente são bem conhecidas e representadas, a fim de minimizar o seu risco de extinção. Tais espécies são, geralmente, consideradas prioridades de conservação e serão certamente bem representadas em uma modelagem otimizada de uma rede de reservas. Por outro lado, dados genéticos de espécies abundantes e de ampla distribuição, são utilizados para análise da estrutura populacional permitindo a identificação de ESUs e unidades de manejo (*management unit* [MU]) ou outros padrões filogenéticos, incluindo aqueles que podem ser associados a perda de habitat ou fragmentação causadas por atividades antrópicas (a viabilidade populacional de tais espécies também pode ser analisada) (Diniz-Filho & Telles, 2006). Essas abordagem pode ser útil ao permitir um entendimento claro de processos evolutivos e ecológicos que regem a diversidade genética, porém a variabilidade genética ainda não tem sido considerada no processo de modelagem de reservas. Dados de populações podem ser

consideradas na escolha das reservas, mas devido à sua grande distribuição geográfica, nem toda a diversidade genética poderá ser incluída, como acontece com espécies ameaçadas. Análises genéticas podem mostrar que a variabilidade genética de espécies com ampla distribuição poderia ser tratada como alvo independente e estará sujeita ao mesmo problema de persistência que ocorre com espécies de menor distribuição geográfica (variando de acordo com tamanho populacional e do nível de fragmentação)(Diniz-Filho & Telles, 2006). Logo, se a estrutura genética das populações não for considerada na modelagem de escolha de áreas de reserva, espécies ameaçadas terão mais de sua variabilidade genética amostrada do que espécies não ameaçadas, as quais poderiam sofrer com a perda de variabilidade genética, que pode estar concentrada em poucas populações que não foram incorporadas (por acaso) nas unidades de conservação (Diniz-Filho & Telles, 2006).

O uso da genética pode trazer importantes contribuições para a definição de grupos para conservação (Paetkau, 1998), ajudando no desenvolvimento teórico e metodológico da incorporação de padrões e processos evolutivos no planejamento de reservas (Diniz-Filho, 2003). A rede de conexões genéticas entre as populações é o que mantém o potencial evolutivo das espécies, e mais do que manter a atenção em populações isoladas, os esforços deveriam ser direcionados para a manutenção de redes que capturem a variação da diversidade dentro das espécies (Crozier, 1997).

É consenso que o planejamento deve fazer o melhor uso dos dados ecológicos (abundância, taxas de crescimento, estocasticidade ambiental) e dados genéticos (endogamia, deriva genética e *fitness*), incorporando-os simultaneamente na modelagem das áreas (Crozier, 1991; Pressey, 2004). Porém, apesar das discussões teóricas, a

adição de informação de padrões complexos de biodiversidade em níveis hierárquicos múltiplos na modelagem de áreas de reserva é pouco utilizada (Diniz-Filho & Telles, 2006).

A genética da conservação tem dado prioridade à persistência ecológica e evolutiva dos alvos (espécies ou outras unidades intraespecíficas), especialmente quando se trata de espécies com distribuição geográfica restrita e sua representatividade. Porém, uma solução generalizada ainda não foi alcançada sobre onde concentrar os esforços de conservação quando se trata de alvos múltiplos com diferenças genéticas específicas em cada alvo (Diniz-Filho & Telles, 2006). Neste trabalho, foi testado um procedimento de otimização para estabelecimento de redes de reservas para conservação de alvos múltiplos considerando a variação genética específica de cada alvo (espécie). Para tal, dados da estrutura genética populacional de 70 espécies de mamíferos carnívoros terrestres do “Novo Mundo” foram incorporados à base de dados de distribuição geográfica destas mesmas espécies, com o intuito de conservar simultaneamente a variabilidade genética de múltiplas espécies.

Material e Métodos

Os dados das extensões de ocorrência (Gaston, 1994) das 70 espécies de Carnívoros terrestres do “Novo Mundo” foram compilados de fontes distintas (Burt & Grossenheider, 1980; Eisenberg, 1989; Chapman & Feldhamer, 1990; Redford & Eisenberg, 1992, 1999; Wilson & Reeder 1993; Emmons, 1997), previamente utilizados em Diniz-Filho & Tôrres (2002) (Tabela 1), e mapeadas ao longo de 4220 quadículas com resolução espacial de 1° de latitude por 1° de longitude, estando estas sobrepostas à área referente ao “Novo Mundo” (The Worldmap grid; Williams, 1992) (Figura 1).

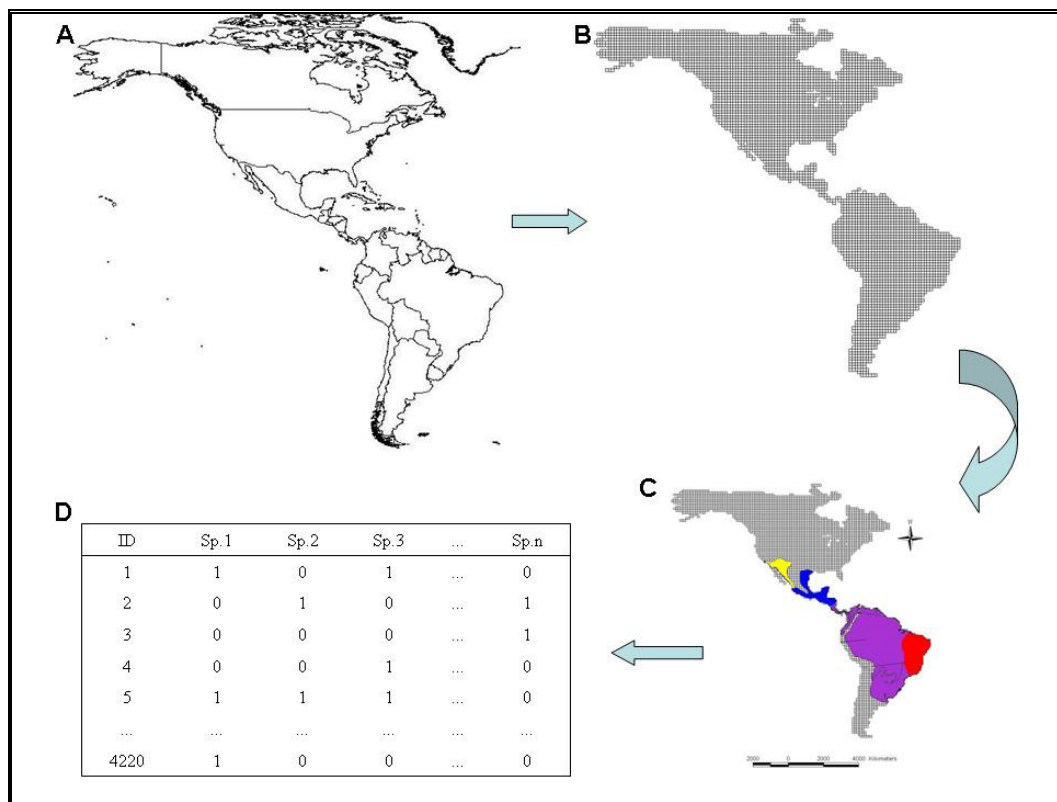


Figura 1: Mapa do Novo Mundo (A), onde 4220 quadículas foram sobrepostas à área equivalente (B), sobre as quais as extensões de ocorrência das 70 espécies de mamíferos carnívoros foram mapeadas (C). A extensão de ocorrência original é representada por todas as cores. Posterior à subdivisão, cada cor representa uma subdivisão genética, e consequentemente passa a ser uma meta de conservação independente. A extensão de ocorrência de cada espécie é então representada numa matriz binária de presença/ausência. (Esquema feito a partir dos mapas gerados pelo programa SITES).

Tabela 1: Famílias e espécies de Carnívoros terrestres do Novo Mundo utilizadas neste trabalho, com a respectiva massa corporal média em quilogramas. (Diniz-Filho & Tôrres, 2002).

Espécie	Tamanho corporal médio (kg)	Família
<i>Mustela nigripes</i>	0,51	Mustelidae
<i>M. erminea</i>	0,09	
<i>M. frenata</i>	0,21	
<i>M. nivalis</i>	0,04	
<i>M. africana</i>	0,22	
<i>M. felipei</i>	0,38	
<i>M. vison</i>	1,07	
<i>Martes americana</i>	0,63	
<i>M. pennanti</i>	3,37	
<i>Gulo gulo</i>	20,75	
<i>Eira barbara</i>	3,9	
<i>Galactis cuja</i>	1,6	
<i>G. vittata</i>	3,2	
<i>Lyncodon patagonicus</i>	1,05	
<i>Taxidea taxus</i>	7,65	
<i>Lontra provocax</i>	4,21	
<i>L. longicaudis</i>	5,8	
<i>L. canadensis</i>	9,35	
<i>Pteronura brasiliensis</i>	26,5	
<i>Conepatus chinga</i>	1,85	Mephitidae
<i>C. leuconotus</i>	1,8	
<i>C. mesoleucus</i>	2,8	
<i>C. semistriatus</i>	0,54	
<i>C. humboldtti</i>	3,99	
<i>Mephitis macroura</i>	0,96	
<i>M. mephitis</i>	2,3	
<i>Spilogale putorius</i>	0,57	
<i>S. pygmaea</i>	0,57	
<i>Procyon cancrivorous</i>	8,8	Procyonidae
<i>P. lotor</i>	6,3	
<i>Nasua narica</i>	8,81	
<i>N. nasua</i>	4,05	
<i>Nasuella olivacea</i>	1,38	
<i>Bassariscus astutus</i>	0,92	
<i>B. sumchrasti</i>	1,05	
<i>B. alleni</i>	1,25	
<i>B. beddardi</i>	1,25	
<i>B. gabbii</i>	1,25	
<i>B. lasius</i>	1,58	

Tabela 1: Continuação

Espécie	Tamanho corporal médio (kg)	
<i>B. pauli</i>	1,58	
<i>Potos flavus</i>	2,99	
<i>Ursus arctos</i>	266,5	
<i>U. americanus</i>	77,5	Ursidae
<i>Tremarctos ornatus</i>	199,98	
<i>Canis lupus</i>	43,25	
<i>C. latrans</i>	12,75	
<i>Pseudalopex culpaeus</i>	7,39	
<i>P. griseus</i>	3,9	
<i>P. gymnocercus</i>	4,75	
<i>P. sechurae</i>	2,19	
<i>P. vetulus</i>	2,75	Canidae
<i>Atelocynus microtis</i>	7	
<i>Cerdocyon thous</i>	5,8	
<i>Chrysocyon brachyurus</i>	23,74	
<i>Speothos venaticus</i>	6	
<i>Vulpes vulpes</i>	5,6	
<i>V. velox</i>	3	
<i>Urocyon cinereoargenteus</i>	3,69	
<i>Phantera onca</i>	90,03	
<i>Lynx canadensis</i>	10,10	
<i>L. rufus</i>	11,2	
<i>Leopardus tigrinus</i>	2,19	
<i>Oncifelis geoffroyi</i>	3,8	
<i>O. guigna</i>	2,23	Felidae
<i>O. colocolo</i>	2,99	
<i>Oreailurus jacobita</i>	3,99	
<i>Leopardus pardalis</i>	7,9	
<i>L. wiedii</i>	3,2	
<i>Herpailurus yaguaroundi</i>	2,59	
<i>Puma concolor</i>	37,01	

Uma matriz binária de presença/ausência das espécies foi construída a partir desses dados. Uma espécie foi considerada presente se sua extensão de ocorrência abrangesse uma quadrícula. Uma segunda matriz binária de presença/ausência foi construída considerando as subdivisões genéticas das espécies estudadas. A subdivisão genética foi feita de acordo com os dados encontrados nos artigos pesquisados, modificando assim a matriz de presença/ausência. De tal forma que cada subdivisão da espécie passou a ser considerada também como um alvo de conservação.

Os artigos considerados foram, na maior parte, sobre estudos de filogenia molecular e genética da paisagem. Utilizaram seqüências de DNAm como forma de obter dados da história evolutiva das espécies. As espécies estudadas apresentam padrões biogeográficos que permitem a separação de uma mesma espécie em populações variadas geneticamente. Baseando-se em dados moleculares inter e intraespecíficos as espécies foram separadas de acordo com os artigos selecionados. Não coube a esse trabalho definir padrões para identificar quão geneticamente diferente são as populações para que fossem consideradas importantes geneticamente. As subdivisões genéticas foram feitas de acordo com os trabalhos selecionados. A variação genética dentro de uma mesma espécie, ou entre populações, foi analisada e descrita em mapas ou de acordo com coordenadas geográficas. Assim os dados sobre variação genética foram compilados a partir dos artigos selecionados. Desta forma, se uma espécie demonstrou ter três subdivisões genéticas, por exemplo, esta foi então dividida em três e cada subdivisão considerada de modo independente (Figura 1). O propósito deste trabalho foi verificar se há diferenças nas áreas escolhidas considerando apenas uma população da espécie ou considerando mais de uma população da mesma espécie.

Quando uma subdivisão da espécie foi considerada de modo independente, a diferença genética entre as subdivisões é comprovada pelos artigos selecionados para o trabalho.

As subdivisões foram obtidas através da revisão bibliográfica, com dados do *Thomson Institute* ou *Istitute for Scientific Information* [ISI] (através do site <http://portal.isiknowledge.com>). A pesquisa foi realizada no período entre 22/05/2006 e 23/07/2007. Para tal, o nome de cada espécie foi combinado da seguinte forma: “*AND (phylogenetic OR population structure OR population genetics OR genetic structure OR phylogeography)*”.

Ao todo, 703 artigos foram encontrados para todas as espécies, porém apenas 24 artigos continham dados relevantes para a subdivisão genética de somente 10 espécies (Tabela 2). A maioria dos trabalhos encontrados tratava de mtDNA em estudos de filogenia molecular e genética da paisagem, realizados entre os anos de 1995 e 2007. Do total de artigos encontrados foram selecionados os que continham dados sobre variação genética de uma mesma espécie. Seja numa mesma população ou entre populações distintas isoladas geograficamente ou não. Os artigos utilizados são sobre estudos de uma única espécie. Assim, com dois ou mais artigos sobre a mesma espécies as informações foram cruzadas e todas as subdivisões consideradas. Porém, em nenhum dos casos houve divergências entre as conclusões dos artigos sobre a variação genética e conseqüente divisão de grupos geneticamente distintos.

Tabela 2: Relação dos artigos encontrados para subdivisão das espécies e artigos utilizados para subdivisão genética.

Espécie	Nº de artigos encontrados	Nº de artigos relevantes para subdivisão genética	Artigo considerado para subdivisão
<i>Mustela erminea</i>	19	1	Fleming & Cook, 2002
<i>Mustela vison</i>	23	1	Stevens <i>et al.</i> , 2005
<i>Taxidea taxus</i>	5	1	Kyle <i>et al.</i> , 2004
<i>Conepatus leuconotus</i>	2	1	Dragoo <i>et al.</i> , 2003
<i>Ursus arctos</i>	69	5	Matsushashi, 2001; Waits <i>et al.</i> , 1998; Paetkau <i>et al.</i> , 1998
<i>Canis lupus</i>	61	10	Vilá <i>et al.</i> , 1999; Forbes & Boyd, 1997;
<i>Cerdocyon thous</i>	39	1	Tchaicka <i>et al.</i> , 2007
<i>Panthera onca</i>	9	2	Eizirick <i>et al.</i> , 2001
<i>Leopardus pardalis</i>	3	1	Eizirick <i>et al.</i> , 1998
<i>Leopardus wiedii</i>	3	1	Eizirick <i>et al.</i> , 1998

Para a comparação da eficiência das redes de reserva foram construídas quatro matrizes. Assim, além das duas matrizes de presença/ausência citadas (uma considerando o total de 70 alvos de conservação sem subdivisão genética e a outra que considera as subdivisões, então com 83 alvos), mais duas matrizes foram construídas para comparação da eficiência das redes de reserva. Uma terceira onde somente as

subdivisões das espécies estão representadas (com 23 alvos) e uma quarta considerando somente as espécies que apresentam a subdivisão (com 10 alvos).

As matrizes foram construídas de forma que T é uma matriz binária que representa a extensão geográfica original das 70 espécies. S é uma matriz binária que considera a subdivisão de todas as espécies, incluindo variação genética que foram consideradas alvos independentes, além de conter os dados de distribuição das espécies que não foram separadas com subdivisão por não haver artigos sobre tais espécies. Ts é uma matriz que representa somente as espécies que foram subdivididas, porém não considera suas subdivisões. As espécies estão representadas integralmente. E SS é a matriz com, somente, as subdivisões.

A meta de conservação muda para cada espécie de acordo com o tamanho da população mínima viável. O tamanho da população é um dos mais relevantes determinantes do risco de extinção (Reed *et al.*, 2002). Com o intuito de garantir a probabilidade de persistência, calculou-se a área necessária para manter o tamanho da população mínima viável [PMV] para cada espécie em 500, 1000, 7000 e 10.000 indivíduos como metas de conservação. Isso foi feito tendo por base a densidade de indivíduos em cada célula estimada pela seguinte equação alométrica (Equação 1) (Silva & Dowling, 2006):

$$\log_{10} D = 1,38 - 1,77 \cdot (\log_{10} M) - 0,32 \cdot (\log_{10} M^2) + 0,27 \cdot (\log_{10} M^3), \quad (\text{Eq. 1})$$

onde: D é a densidade da população da espécie;

M é a massa corporal média da espécie.

De acordo com a densidade que cada espécie apresentou por célula, a meta de conservação é então diferente. Ainda, quando consideradas as subdivisões genéticas, a mesma meta da espécie é a mesma para a subdivisão derivada da espécie (ou seja, assume-se que a população mínima necessária para a persistência de uma espécie de um dado tamanho corpóreo continua quando esta é subdividida).

O algoritmo *simulated annealing* foi utilizado 150 vezes para cada matriz, através do módulo *Site Selection Module* [SSM], dentro do programa *SITES* (Andelman *et al.*, 1999), com 1.000.000 iterações. Trata-se um algoritmo não-sequencial que encontra soluções ótimas (minimiza o número de células) baseadas no princípio da complementaridade. (Vane-Wright *et al.*, 1991; Cabeza & Moilanen, 2001). O algoritmo seleciona uma rede ao acaso de células e a cada iteração muda o sistema aleatoriamente, adicionando, excluindo ou trocando células, comparando finalmente as mudanças resultantes na equação de custo (Possingham *et al.*, 2000). A seguinte função de custo (Equação 2) está associada às redes:

$$C_R = \sum_{i=1}^{4220} C_Q i + \sum_{j=1}^n C_E j, \quad (\text{Eq. 2})$$

onde: C_R é o custo total da rede;

$C_Q i$ é o custo da quadrícula i ;

$C_E j$ é o custo da espécie j , cuja distribuição geográfica não está contida em nenhuma quadrícula da rede selecionada;

n número de espécies não abrangidas na rede selecionada.

Pode-se entender o custo total da rede como o somatório do custo de cada quadrícula selecionada somado ao somatório de custo de cada espécie cuja distribuição geográfica não está contida em nenhuma quadrícula da rede selecionada. O valor de custo de cada quadrícula anexada à rede foi definido como um, e o valor de custo de cada espécie não representada na rede foi definido como três, garantindo que todas as espécies seriam representadas na menor área possível. A meta de conservação para cada espécie varia entre as espécies –levando em consideração que, se uma espécie apresentou variação genética (ou seja, se ela apresenta diversidade genética), aqui ela é considerada como uma espécie independente - e também de acordo com o tamanho mínimo da PMV, considerado a cada execução.

As 100 primeiras soluções (número mínimo de células e sem espécies perdidas) foram utilizadas para determinar a insubstituibilidade das células (Pressey *et al.*, 1993; 1994; Ferrier *et al.*, 2000; Diniz-Filho *et al.*, 2005). A insubstituibilidade foi calculada como sendo a frequência de presença de cada célula nas soluções. Essa frequência proporciona uma medida de importância de uma área, no sentido de satisfazer as metas de conservação.

Para verificar a eficiência das redes em que não há subdivisão genética na captura das variações genéticas de cada espécie, a matriz T foi comparada com as 100 melhores soluções geradas para as outras matrizes. Assim, o vetor R_{ij} é composto pela representatividade das subdivisões das espécies nas soluções j da rede selecionada para a matriz i . Os resultados foram apresentados em uma tabela de representatividade, indicando a eficiência da representação da variação genética na matriz T (Pinto *et al.*, 2008).

O algoritmo *simulated annealing* foi utilizado uma segunda vez, com as mesmas matrizes, considerando um vetor de custo AET (variável bioclimática de evapotranspiração atual, usualmente associada fortemente a padrões de riqueza de espécies) (Hawkins *et al.*, 2003). Foram realizadas 50 execuções para cada matriz, com 20.000.000 de iterações. Com o vetor de custo AET, o algoritmo selecionou apenas uma única rede ótima para as matrizes T e S, para PMVs de 500 e 1.000 indivíduos. Estas soluções ótimas foram comparadas com as soluções obtidas anteriormente, levando em conta a localização espacial das células selecionadas.

Resultados e Discussão

Com base nas 100 melhores soluções geradas nas execuções das matrizes no programa *SITES*, foram gerados mapas de insubstituibilidade e estes analisados de acordo com a localização espacial das células insubstituíveis. As redes selecionadas para as matrizes nas várias PMVs foram de diferentes tamanhos e configurações espaciais. Os padrões de insubstituibilidade também variaram de acordo com a matriz considerada e o tamanho da PMV utilizada como meta.

Quando a PMV considerada como meta foi a que continha 500 indivíduos, as soluções encontradas para a matriz T (grupo de 70 espécies, sem subdivisão genética) contiveram 31 quadrículas e o maior índice de insubstituibilidade foi de 50 (o que significa que a quadrícula foi selecionada em 50 das 100 soluções) O mapa pode ser visto com detalhes na Figura 2.

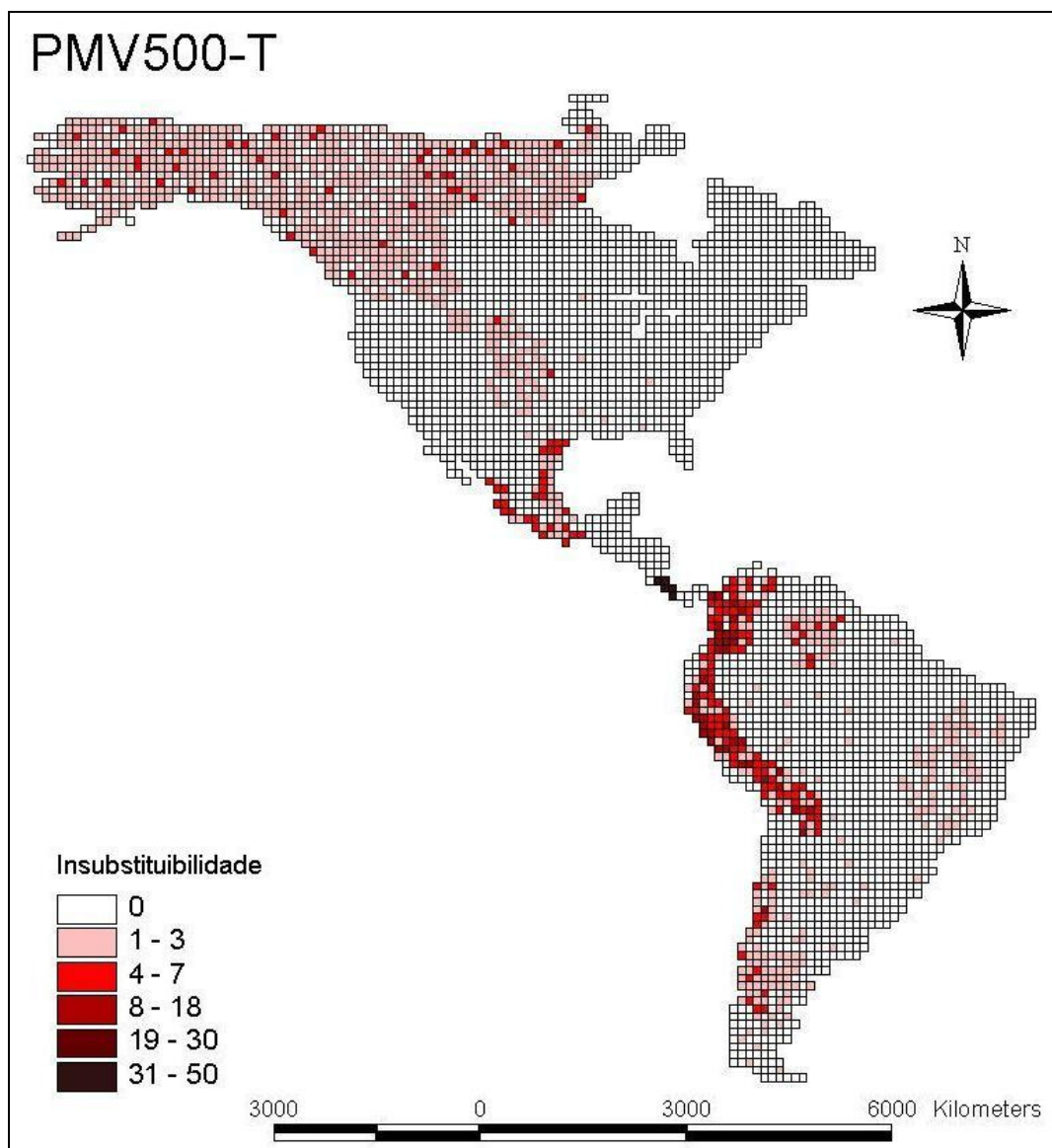


Figura 2: Mapa de insubstituibilidade para a matriz binária T quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie.

Para a matriz S (70 espécies mais as subdivisões encontradas, totalizando 83 alvos) as soluções encontradas contam com 40 quadrículas e o maior índice de insubstituibilidade foi de 18. O mapa pode ser visto com detalhes na Figura 3.

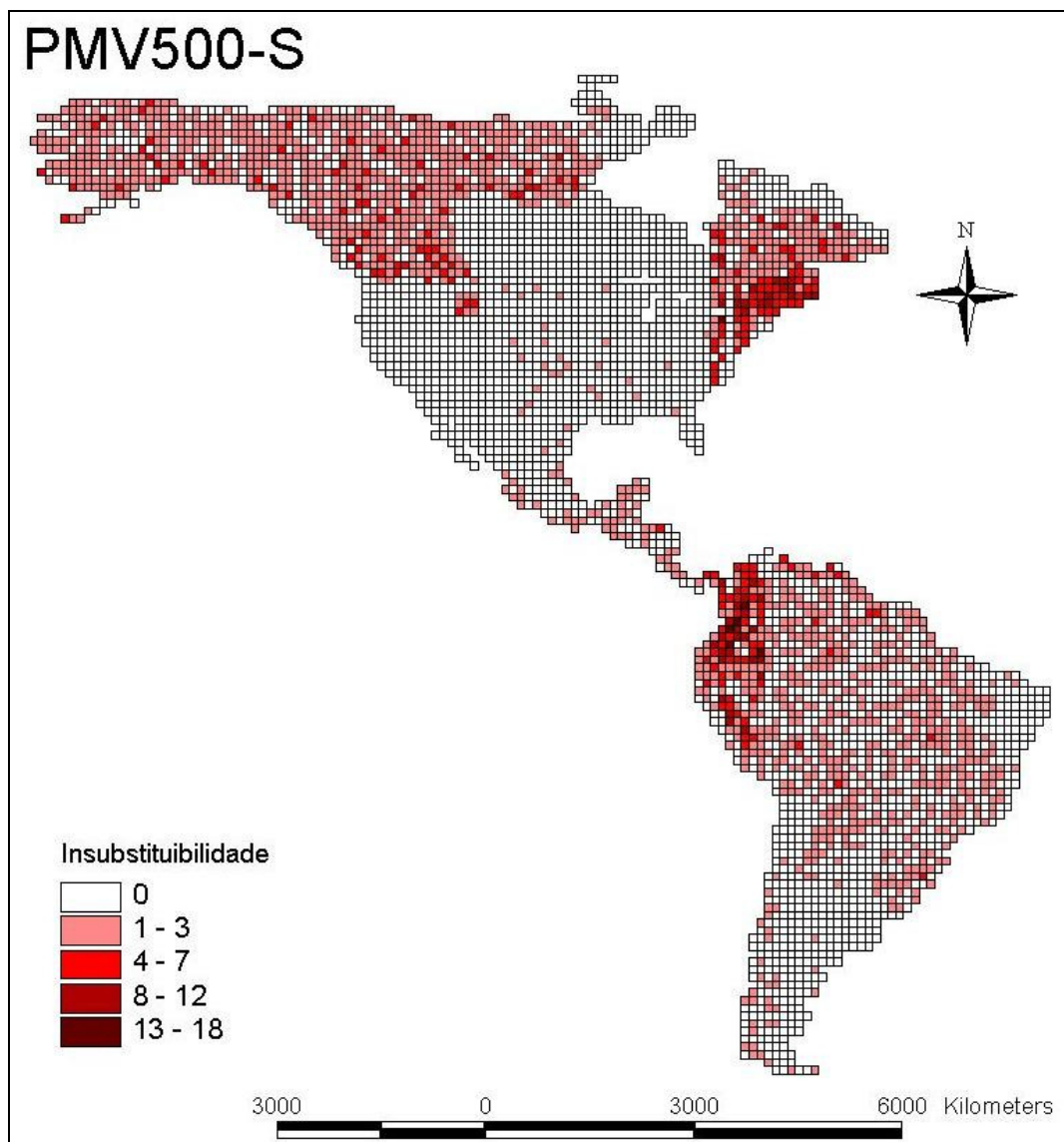


Figura 3: Mapas de insubstituibilidade a matriz S quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

Quando somente as espécies subdivididas estão sendo analisadas (matriz Ss, com 23 alvos), as redes selecionadas contam com 31 quadículas e 20 foi o maior índice de insubstituibilidade encontrado. O mapa pode ser visto com detalhes na Figura 4.

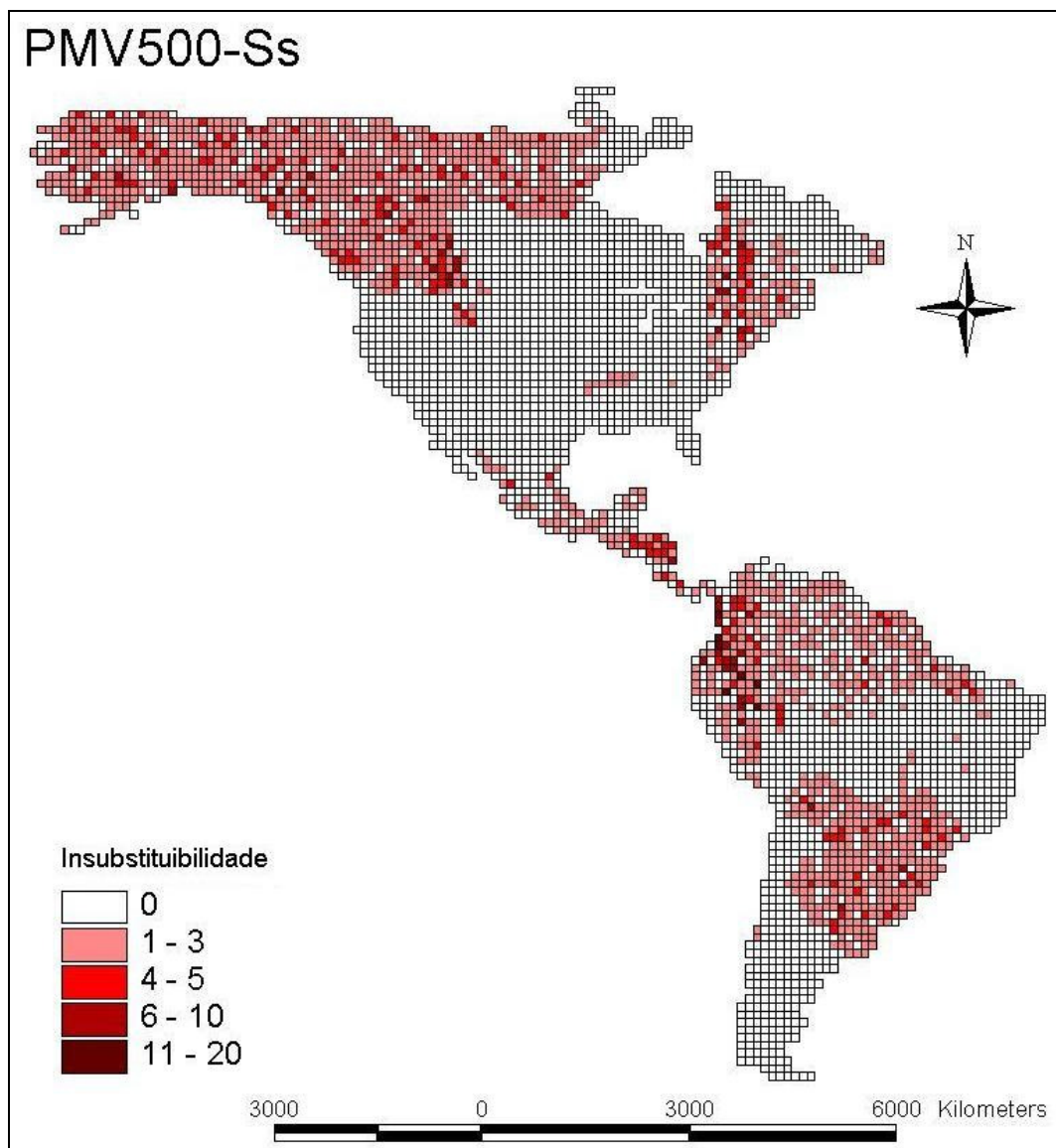


Figura 4: Mapas de insubstituibilidade a matriz Ss quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

Já na matriz Ts (espécies que apresentam subdivisão genética, porém, não estão subdivididas, com 10 alvos) 16 quadrículas foram selecionadas para as redes de conservação sendo nove o maior índice de insubstituibilidade. O mapa pode ser visto com detalhes na Figura 5.

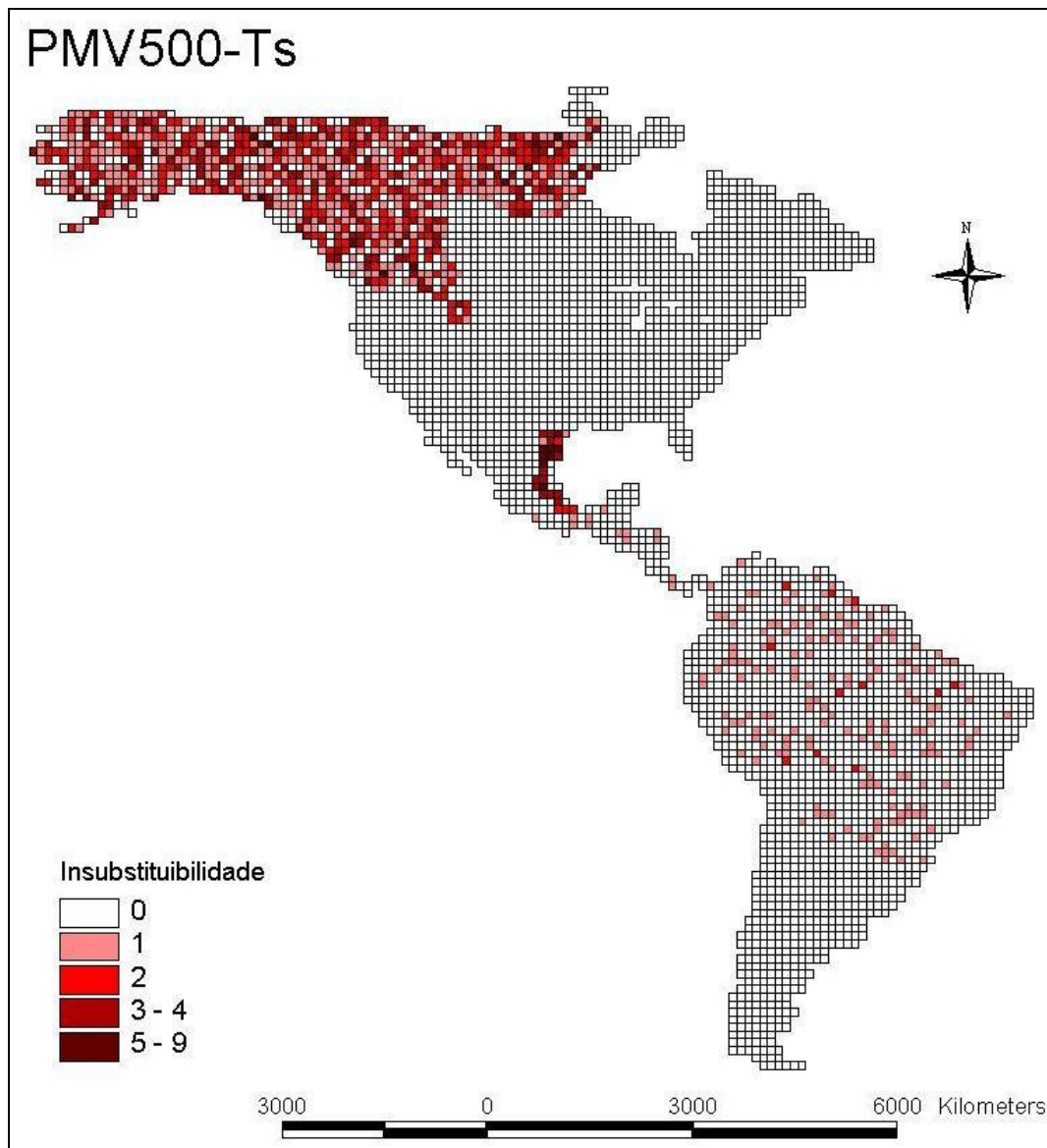


Figura 5: Mapa de insubstituibilidade para a matriz binária Ts quando a PMV considerada é de 500 indivíduos por espécie.

As quadrículas com maior valor de insubstituibilidade para as espécies sem subdivisão genética concentram-se na região do Panamá e nos Andes. A região do Panamá concentra bordas de distribuições geográficas de espécies de pequena distribuição, por isso o alto grau de insubstituibilidade concentrado. Não se pode deixar de citar a existência de espécies endêmicas nesta região. Já a região dos Andes possui uma espécie endêmica (*Tremarctos ornatus*) de grande tamanho corporal e baixa

densidade. Quando utilizamos a equação alométrica para definição da densidade populacional em cada célula, acabamos concentrando esforços de conservação na região devido a isso, sendo uma desvantagem para conservação de outras espécies. É possível observamos no mapa gerado para a matriz Ts, que quando esta espécie é retirada do plano de conservação, a área correspondente a seu habitat não está presente. Comparando os mapas gerados para as matrizes T e Ss, é perceptível que quando somente as espécies com subdivisão genética são consideradas, um aglomerado de quadrículas selecionadas na parte sudeste da América do Sul e outro a nordeste da América do Norte não estejam representados no mapa gerado para a matriz T, que não considera as subdivisões genéticas. Estas áreas não representadas são referentes à subdivisão feita para as espécies *Ursus arctos* e *Canis lupus* a nordeste da América do Norte e referentes à subdivisão de *Cerdocyon thous* e *Panthera onca* no sudeste da América do Sul. Assim sendo, se a variação genética destas espécies não estivesse sendo considerada como alvo de conservação, esta variação não seria considerada no planejamento de uma área prioritária de conservação.

As redes selecionadas para as metas de PMV com 1000 indivíduos foram, como esperado, maiores. Para a matriz T, o número de quadrículas selecionados para a rede foi de 54, e a insubstituibilidade máxima encontrada foi de 51 (Figura 6).

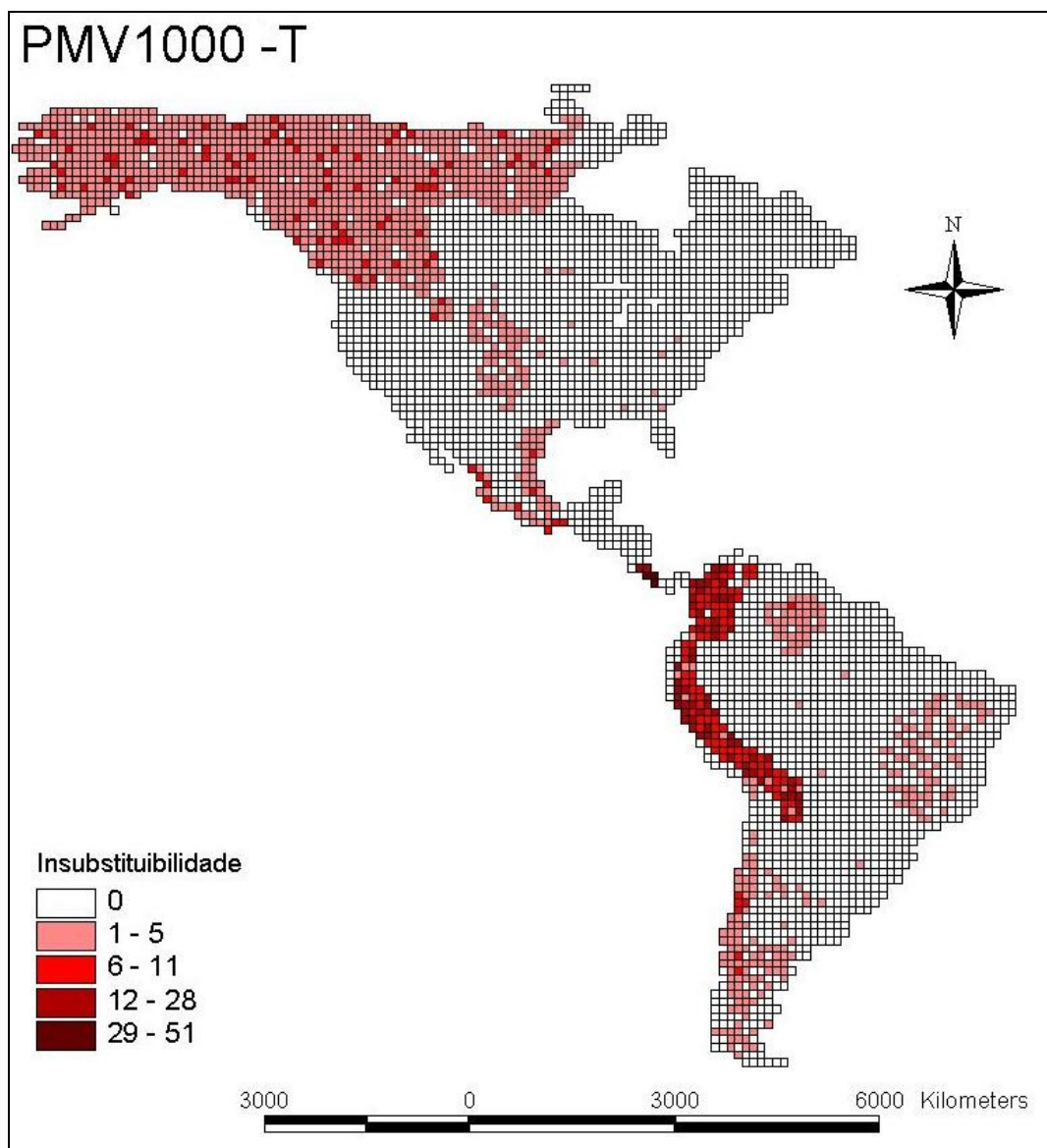


Figura 6: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie.

Para a matriz S, o conjunto de redes selecionadas contém 63 quadrículas, apresentando insubstituibilidade máxima de 38 (Figura 7).

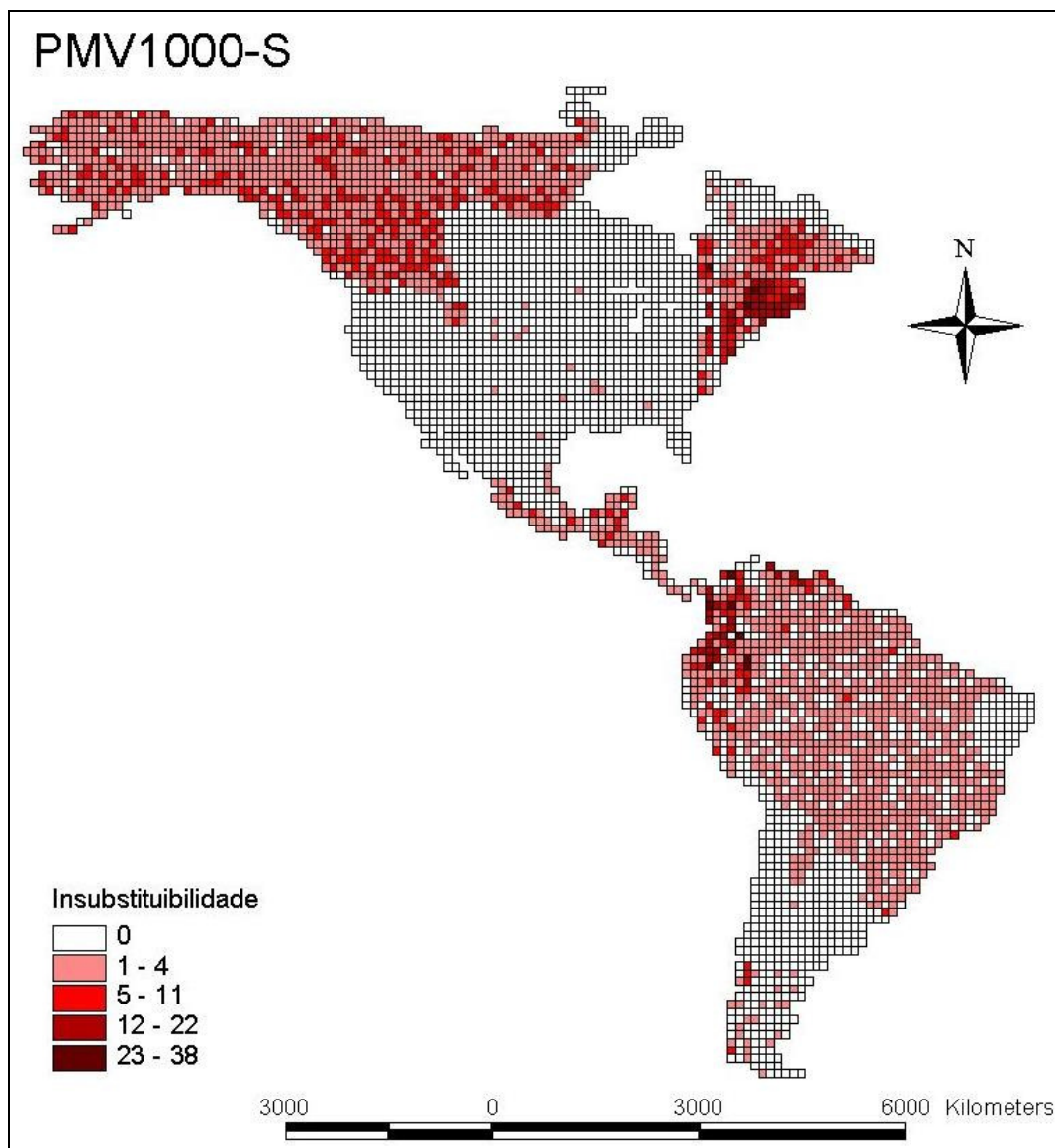


Figura 7: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

As matrizes menores Ss e Ts tiveram redes com 63 e 34 quadrículas selecionadas, respectivamente, e insubstituibilidade máxima de 27 para a matriz Ss e 11 para a matriz Ts (ver Figura 8 e Figura 9).

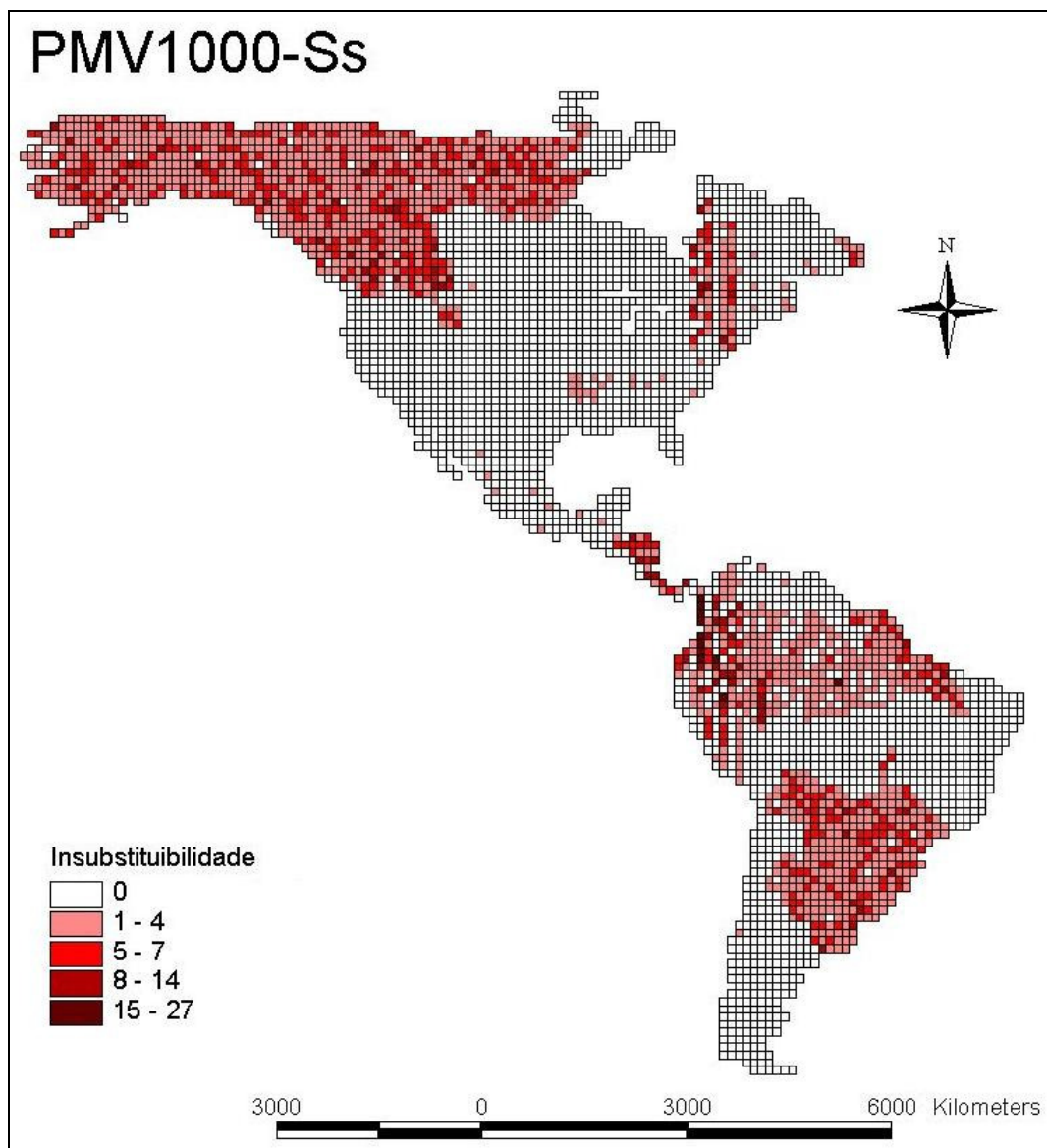


Figura 8: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ss quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

O padrão de distribuição das quadrículas é semelhante ao padrão anteriormente apresentado para as PMVs de 500 indivíduos. Os índices de insubstituibilidade são maiores devido ao aumento do número exigido como população mínima para cada população. Isto principalmente para populações com baixa densidade populacional, que acabam concentrando as soluções para que as metas sejam atingidas.

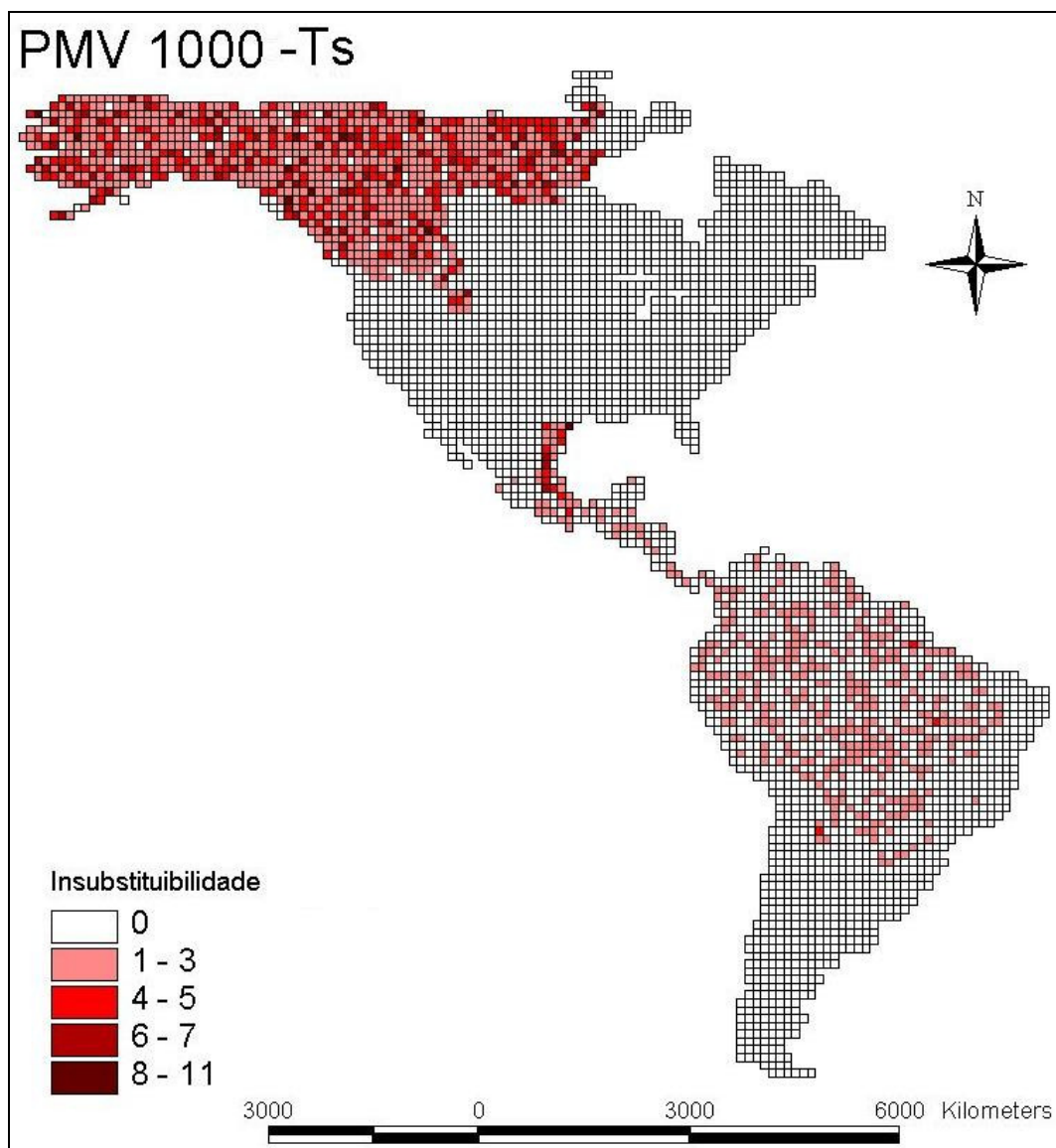


Figura 9: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ts quando a PMV considerada é de 1000 indivíduos por espécie.

Quando a PMV considerada passa a ser 7000 indivíduos por população, o número de quadrículas por solução aumenta, assim como o valor máximo da insubstituibilidade, como era esperado. Para a matriz T, 308 quadrículas foram selecionadas, e o maior grau de insubstituibilidade de 83 (Figura 10).

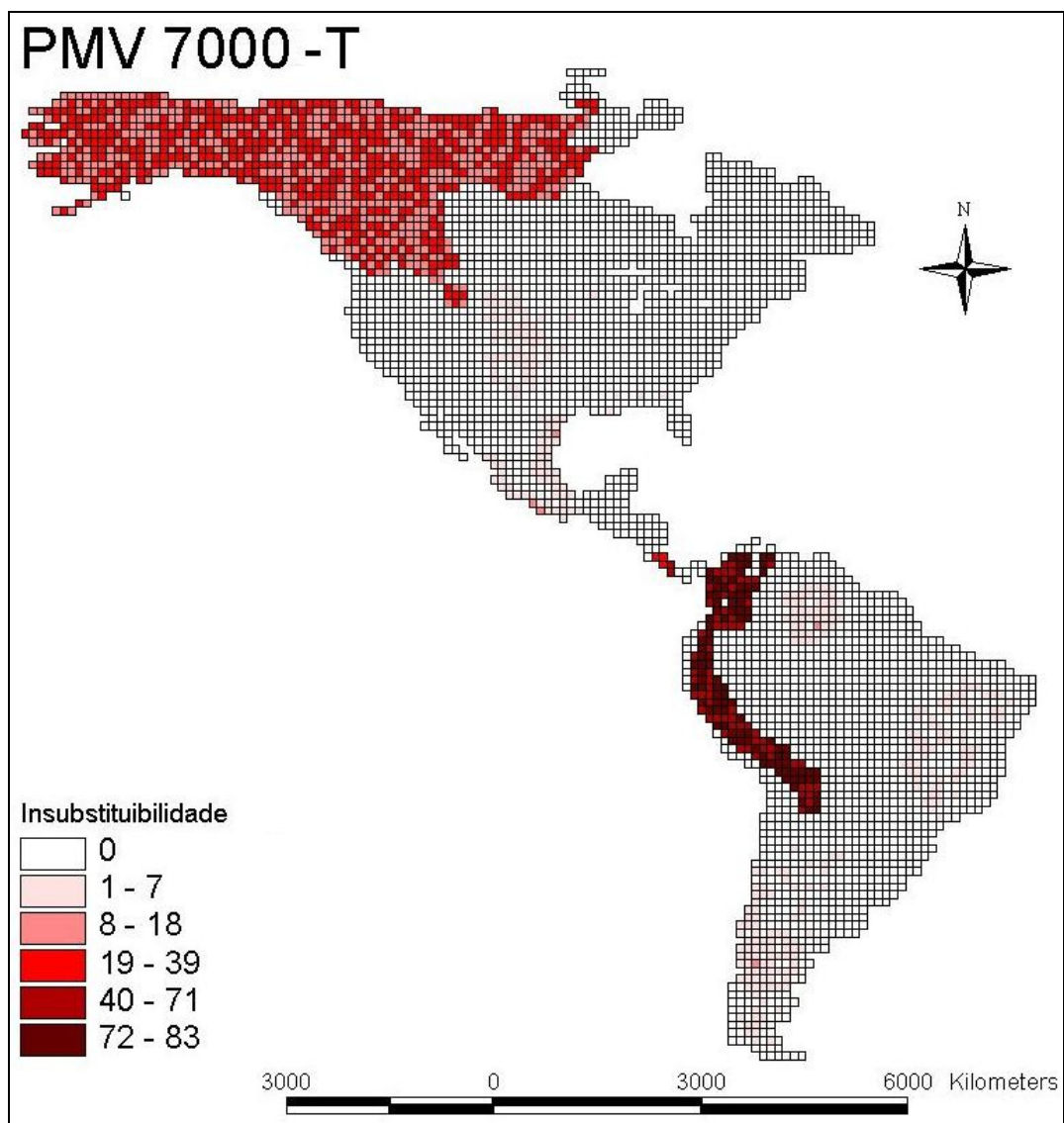


Figura 10: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie.

Para a matriz S, houve um número maior de quadrículas selecionadas, 468, e a insubstituibilidade máxima encontrada foi de 96. Isso pode ser visto na

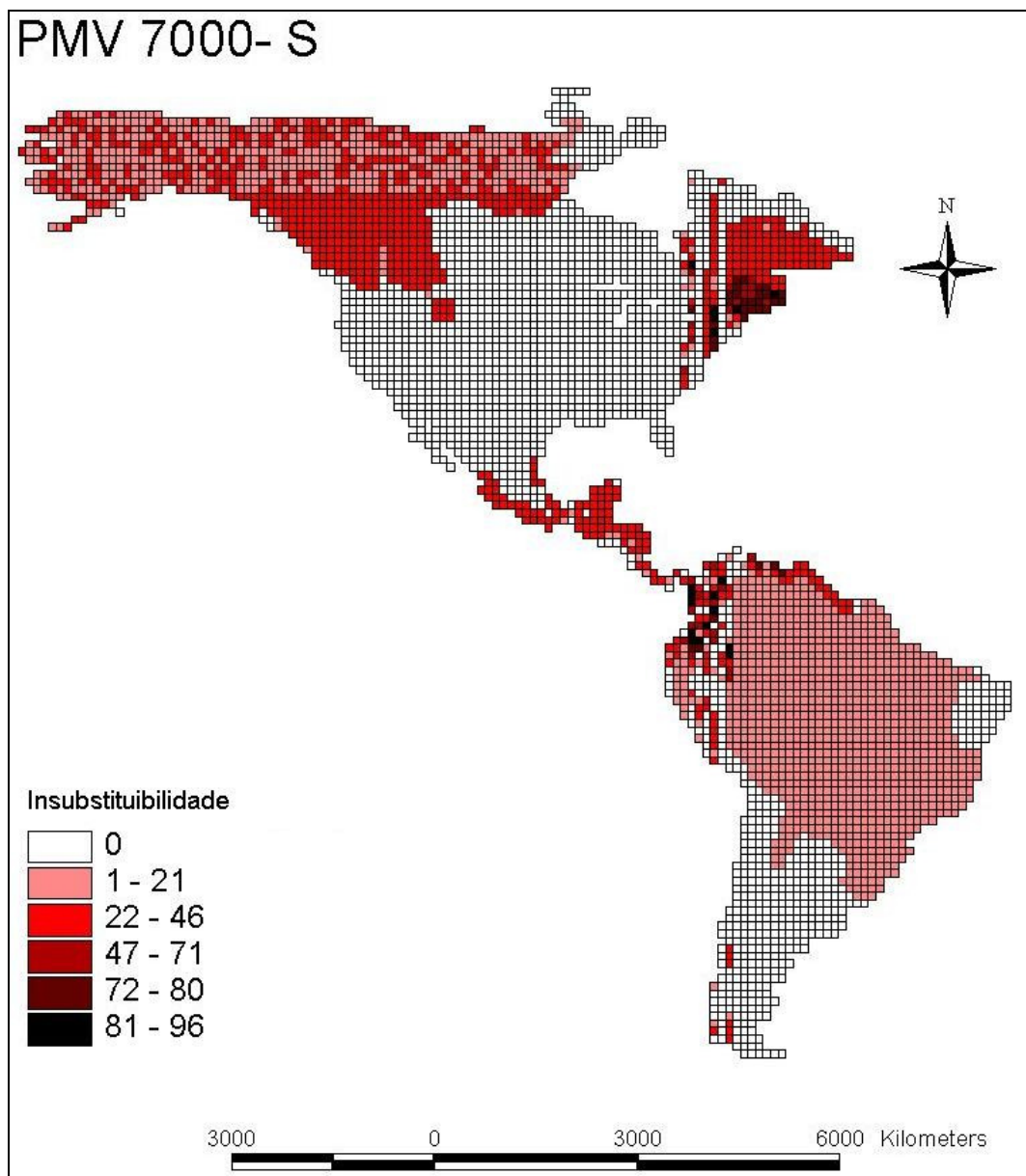


Figura 11: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

Já as matrizes Ss e Ts obtiveram 416 e 217 quadrículas selecionadas para as reservas, respectivamente, e 93 e 30 como índices de insubstituibilidade máximos, também respectivamente ().

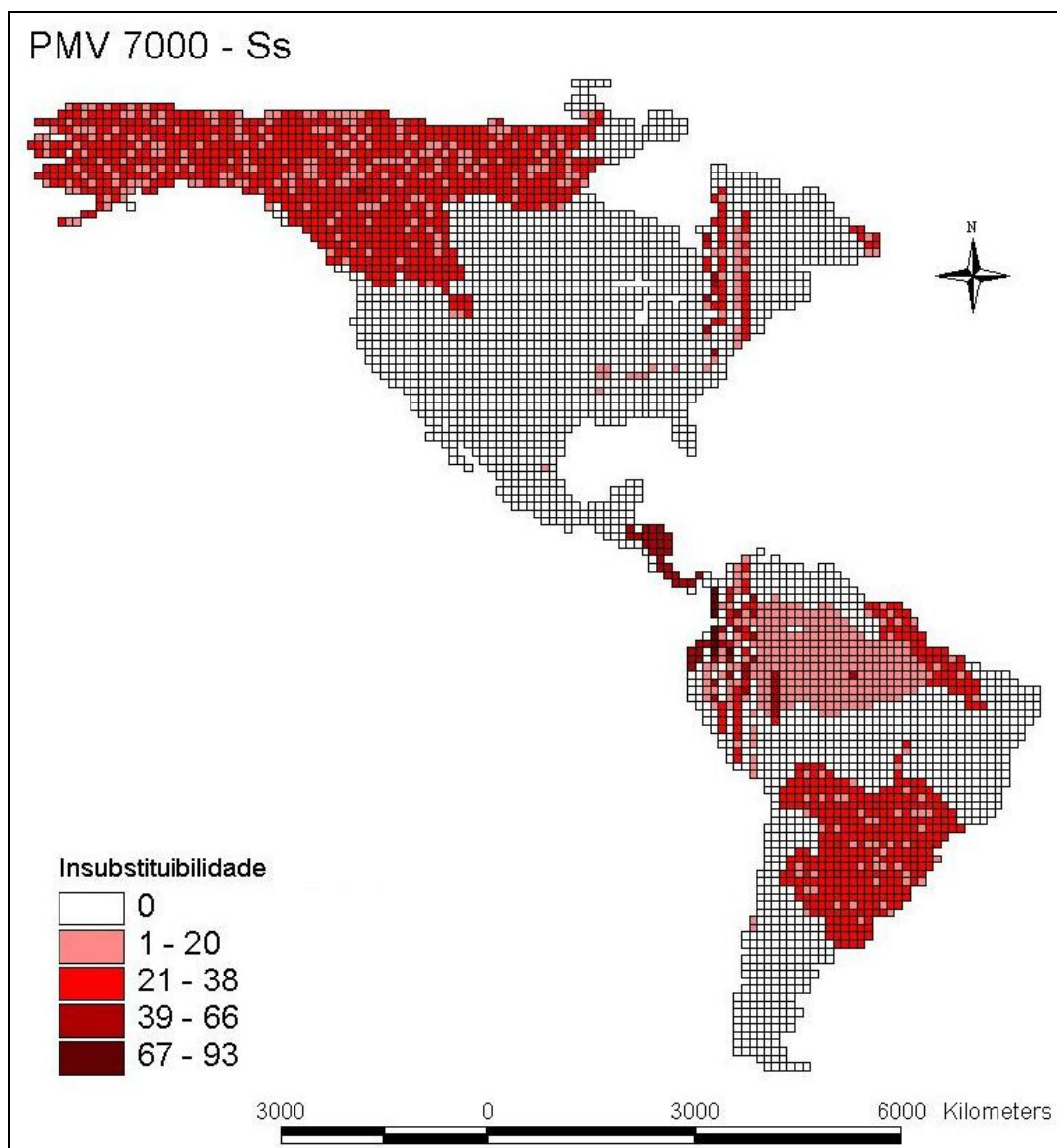


Figura 12: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ss quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie ou subdivisão da espécie.

Com o aumento da PMV as quadrículas selecionadas passam a apresentar maior grau de insubstituibilidade. Algumas espécies necessitam de muitas quadrículas para representar a PMV, principalmente espécies de grande porte e distribuição restrita. O que pode ser visualizado, por exemplo, na matriz T para PMV de 7000. A espécie *Tremartos ornatus*, presente na região dos Andes, com massa corporal média de 199,98

kg e distribuição restrita, concentra as quadrículas escolhidas em toda sua área de ocorrência (Figura 10).

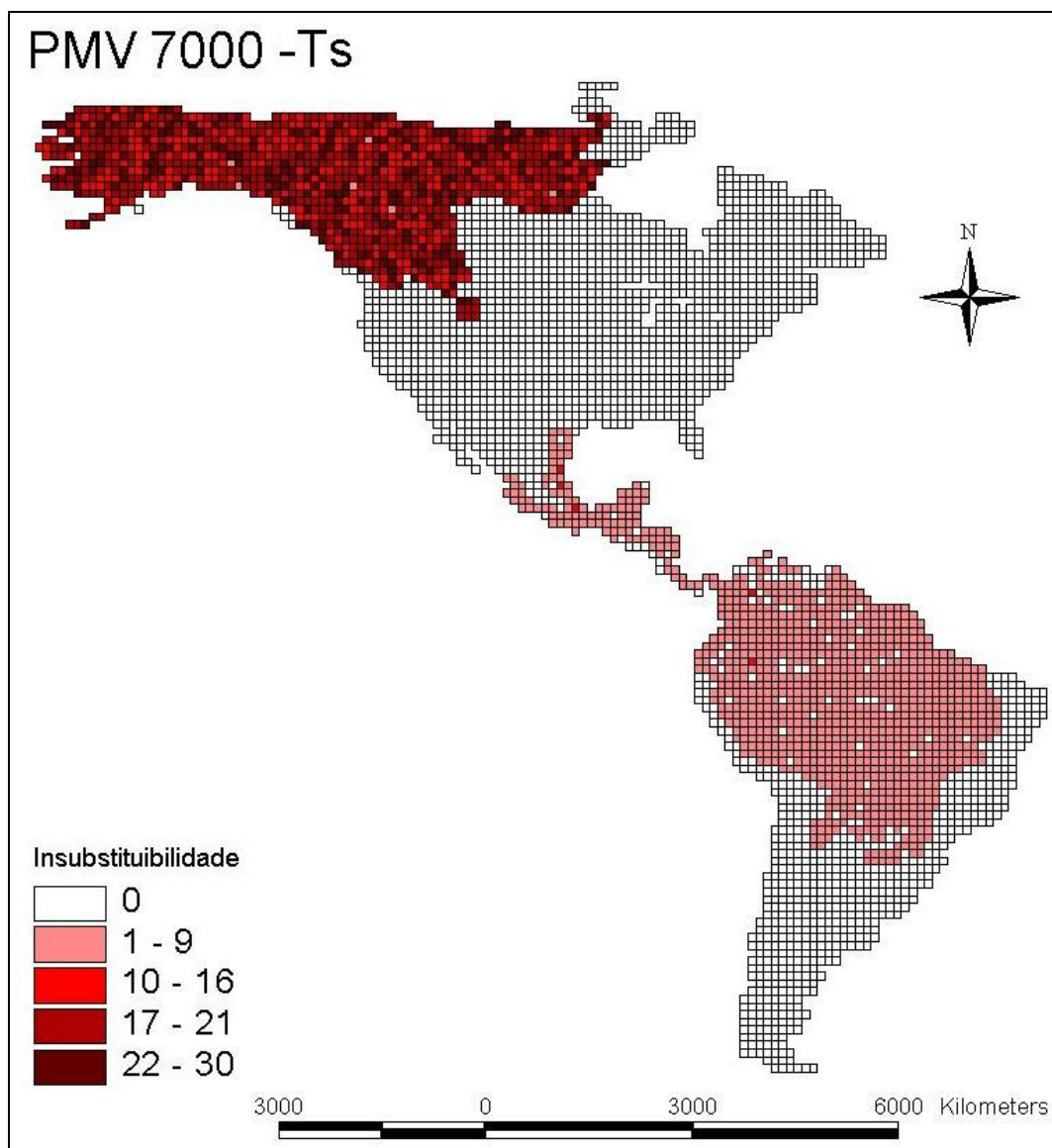


Figura 13: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ts quando a PMV considerada é de 7000 indivíduos por espécie.

A utilização da PMV com 10.000 indivíduos torna as redes de seleção mais homogêneas, com mais quadrículas selecionadas e os valores mais altos dos índices de insubstituibilidade em um número menor de células. Porém, isso não ocorre na matriz T

(Figura 14), onde a alta insubstituibilidade está toda concentrada na região dos Andes devido à espécie discutida anteriormente. Nesta matriz, 438 células foram selecionadas e muitas das células também presentes em todas as 100 soluções, com valor de insubstituibilidade 100.

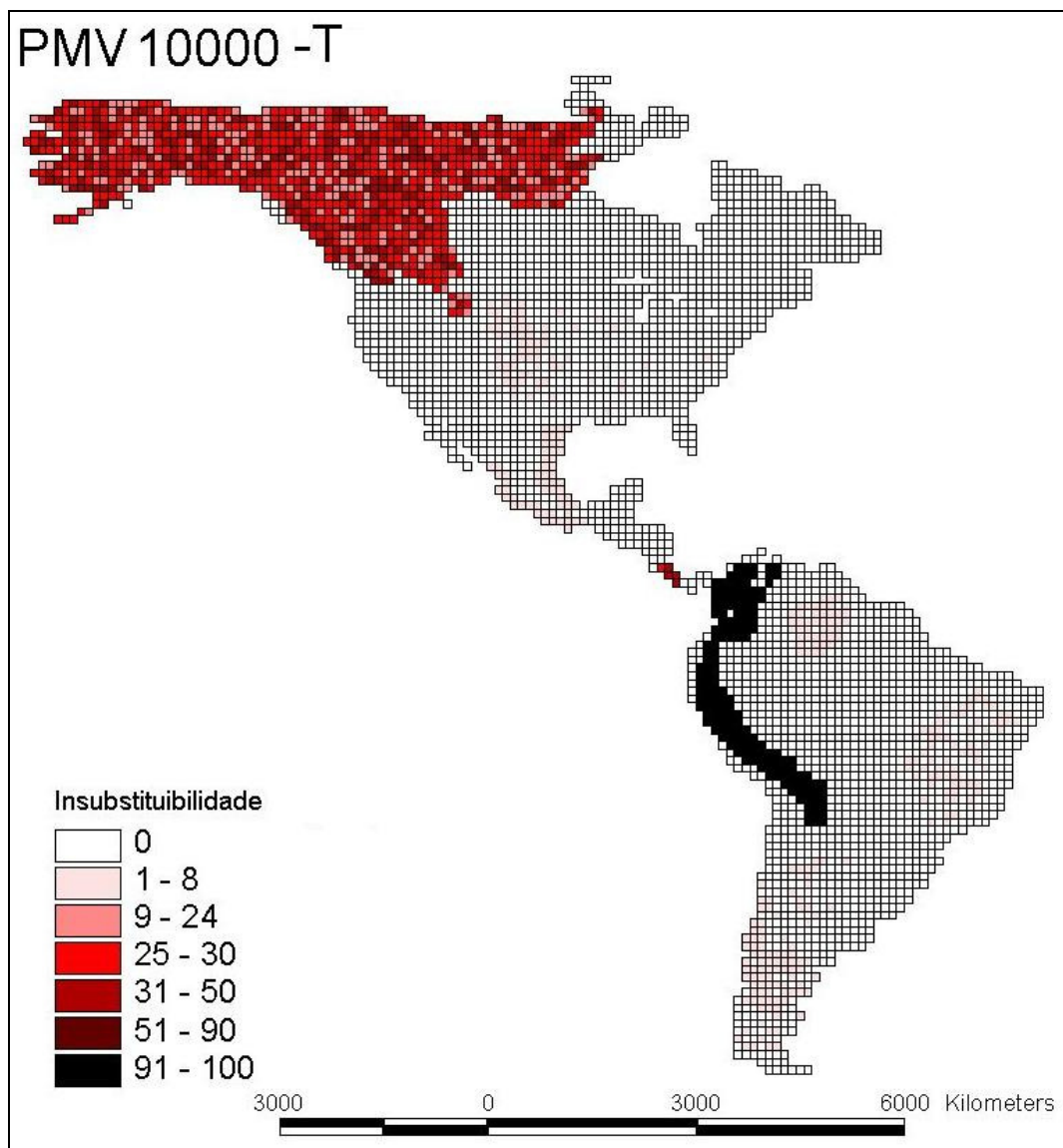


Figura 14: Mapa de insubstituibilidade para a matriz T quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie.

Para a matriz S, a solução gerada tem 722 células, com insubstituibilidade máxima de 100. Pode ser observado a seguir na Figura 15.

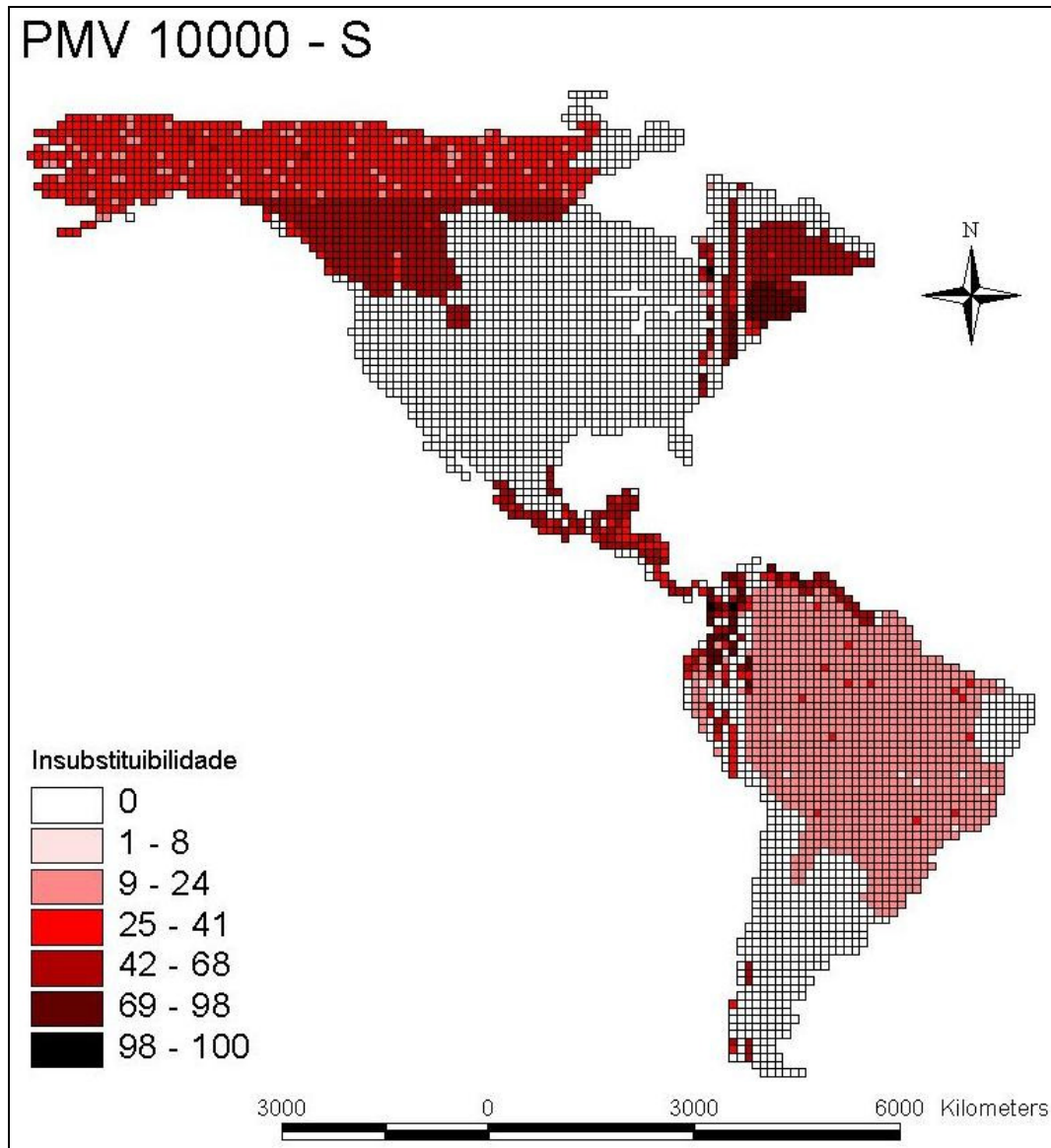


Figura 15: Mapa de insubstituibilidade para a matriz S quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie ou subespécie.

A matriz Ss também apresentou valores altos de células selecionadas para a geração de redes, com 613 no total, e um aumento significativo no valor da

insubstituibilidade, chegando a 99. Pode-se ver no mapa a distribuição das quadrículas ao longo do mapa do “Novo Mundo” para esta matriz na Figura 16.

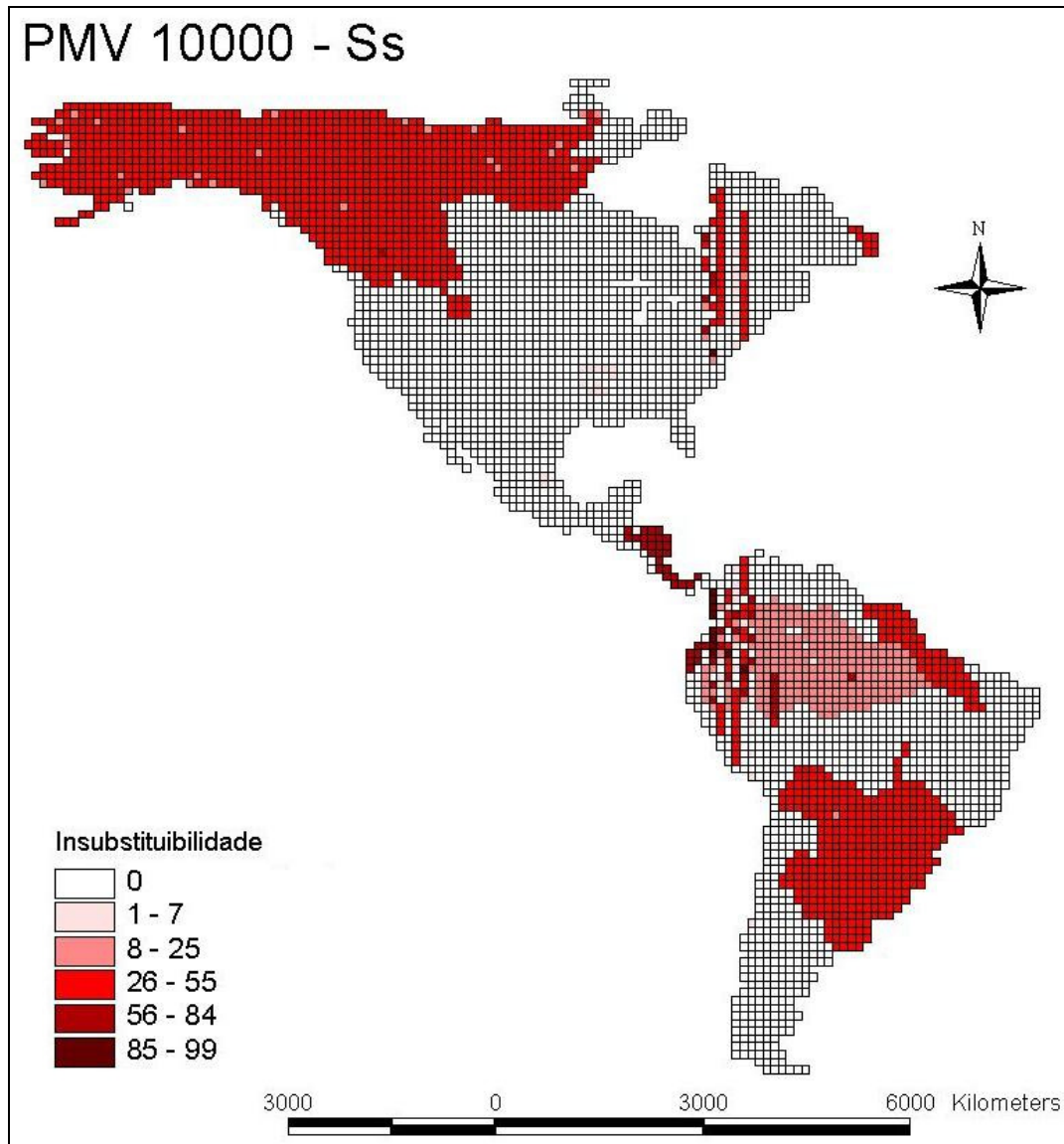


Figura 16: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ss quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie ou subespécie.

A matriz binária Ts também gerou uma quantidade considerável de quadrículas selecionadas para a geração de redes de preservação, num total de 317 para as 10 espécies que representa. O valor da insubstituibilidade máxima obtido, no entanto, foi

de 44, uma vez que apenas as espécies (10) que apresentam subdivisão genética são representadas por esta matriz. Pode-se visualizar a distribuição das células selecionadas no mapa da Figura 17.

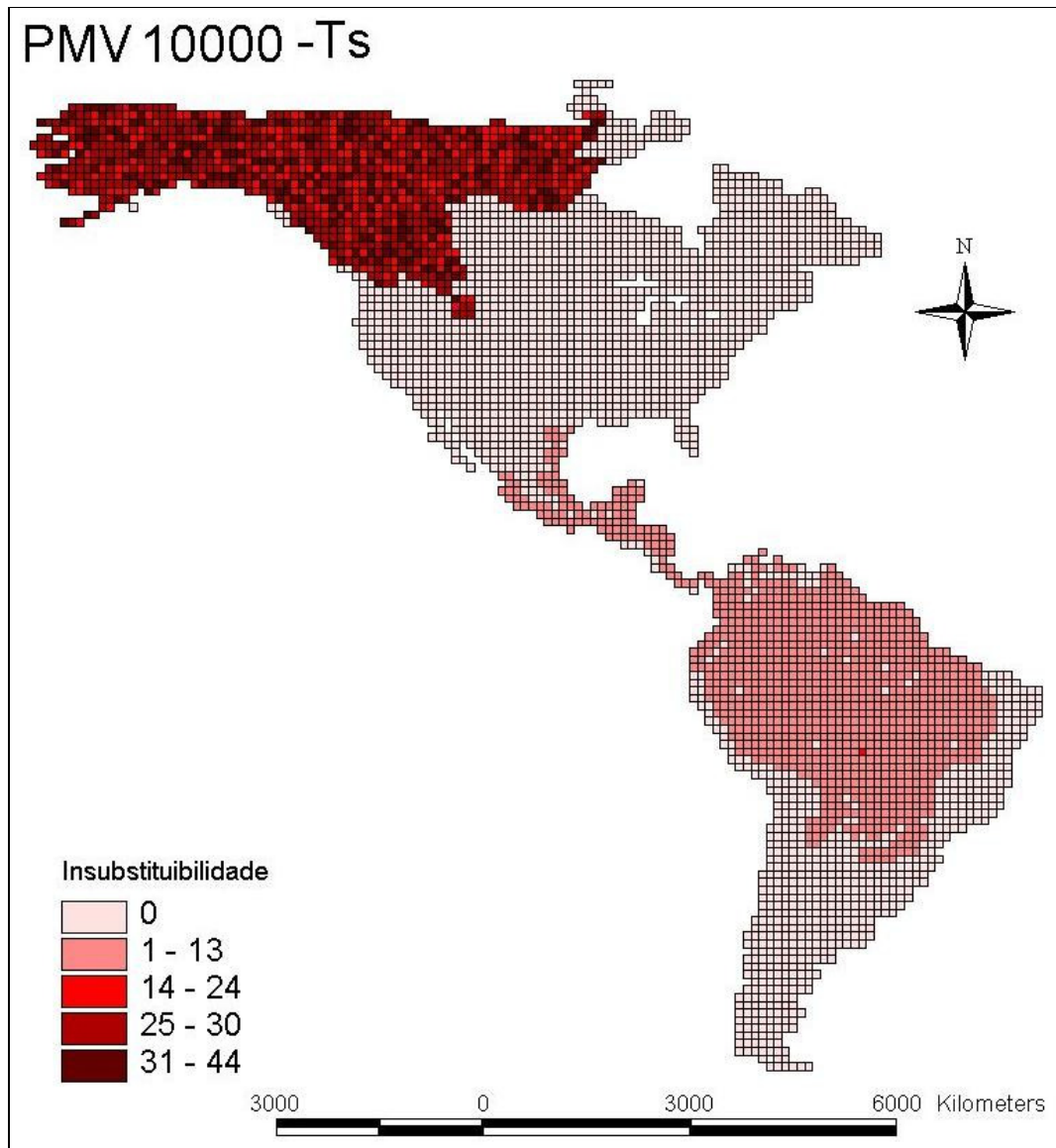


Figura 17: Mapa de insubstituibilidade para a matriz Ts quando a PMV considerada é de 10000 indivíduos por espécie.

A eficiência da matriz T em representar, nas redes selecionadas, a variação genética das espécies (R_{ij}) está demonstrada na Tabela 3.

Tabela 3: Representatividade da matriz T em relação à matriz S, considerando PMVs de 500 e 1000 indivíduos por população selecionada. A média e desvio padrão são referentes às 100 redes analisadas.

REDES	PMV 500	PMV 1000	REDES	PMV 500	PMV 1000
1	0,98	0,96	51	0,95	0,99
2	0,99	0,99	52	0,96	0,96
3	0,96	0,99	53	0,98	0,96
4	0,98	0,98	54	0,92	0,99
5	0,94	0,98	55	0,99	0,99
6	0,93	0,95	56	0,89	0,99
7	0,96	0,99	57	0,98	1,00
8	0,98	0,99	58	0,98	0,96
9	0,99	0,98	59	0,98	0,96
10	0,96	1,00	60	0,96	0,96
11	0,98	0,98	61	0,99	0,99
12	0,95	0,99	62	0,96	0,98
13	1,00	0,98	63	0,94	1,00
14	0,96	0,99	64	0,96	0,99
15	0,96	1,00	65	0,95	1,00
16	0,96	0,96	66	0,96	0,96
17	0,94	0,99	67	0,95	0,98
18	0,94	0,98	68	1,00	1,00
19	0,95	1,00	69	0,98	0,98
20	0,98	0,96	70	0,96	0,98
21	0,98	0,96	71	0,98	0,96
22	0,98	0,99	72	0,96	1,00
23	0,99	0,98	73	0,95	0,99
24	0,94	0,96	74	0,99	1,00
25	0,92	1,00	75	0,99	0,99
26	0,96	0,96	76	0,99	0,98
27	0,96	0,98	77	0,96	0,96
28	0,98	0,99	78	0,96	0,96
29	0,99	0,99	79	0,92	0,98
30	0,95	0,94	80	0,98	0,99
31	0,96	0,99	81	1,00	1,00
32	0,99	1,00	82	0,95	0,99
33	0,94	0,99	83	1,00	1,00
34	0,95	0,98	84	0,95	0,99
35	0,98	0,98	85	0,99	0,99
36	0,94	0,99	86	0,95	0,98
37	0,95	0,96	87	0,96	0,95
38	0,98	0,99	88	0,93	0,99
39	0,92	0,98	89	0,98	0,99
40	0,96	0,95	90	0,95	0,98
41	0,99	0,98	91	0,96	1
42	0,95	0,99	92	0,98	0,98
43	0,92	0,98	93	0,95	0,99
44	0,98	0,96	94	0,98	0,98
45	0,96	0,96	95	0,95	0,96
46	0,96	0,98	96	0,98	0,99
47	0,93	0,99	97	1	0,95
48	0,95	0,99	98	0,95	1
49	0,98	0,99	99	0,95	1
50	0,98	0,99	100	0,99	0,99
Média	0,96	0,98			
DP ±	0,02	0,01			

As redes selecionadas para a matriz T representaram, em média, 96% das redes selecionadas para a matriz S quando o número considerado para PMV foi de 500. Esse número subiu para 98% de representatividade quando a PMV considerada foi de 1000. Para as PMVs de 7000 e 10.000, a representatividade em ambos os casos foi de 100%, o que tornou de pouco interesse a apresentação dos dados para estas PMVs através de uma tabela adicional.

Quando a comparação é feita por espécies (Tabela 4), a representatividade também é alta e o desvio padrão, apesar de apresentar um valor mais alto do que quando comparadas as redes, também demonstra uniformidade da representação das espécies. Porém, algumas espécies mostram-se mal representadas. É o caso de *Galictis vittata*, cuja extensão de ocorrência é abrangente e pouco representada, pois a área selecionada localiza-se na borda da extensão. Além disso, com o aumento da PMV, esta espécie não atinge uma representação tão alta quanto as outras. Outra espécie com representatividade mais baixa que a maioria é a *Conepatus leuconotus*, cuja extensão geográfica é restrita e encontra-se muito próxima a espécies também de distribuição restrita. Isto afeta a representatividade quando a solução está localizada na borda da sua distribuição, porém, sua representatividade aumenta quando a PMV considerada é de 1.000 indivíduos, pois mais quadrículas deverão ser selecionadas, e o serão, possivelmente, dentro de sua região de ocorrência. É o mesmo que acontece com também com a espécie *Conepatus humboldtii*.

Tabela 4: Representatividade da matriz T em relação à matriz S, considerando PMVs de 500 e 1000 indivíduos por população selecionada. A média e desvio padrão são referentes às 83 espécies analisadas.

SP	PMV 500	PMV 1000	SP	PMV 500	PMV 1000
1	0,96	0,99	43	1,00	1,00
2	0,94	0,98	44	1,00	1,00
3	1,00	1,00	45	1,00	1,00
4	1,00	1,00	46	1,00	1,00
5	1,00	1,00	47	0,98	0,99
6	0,97	0,99	48	1,00	1,00
7	1,00	1,00	49	1,00	1,00
8	1,00	1,00	50	1,00	1,00
9	1,00	1,00	51	1,00	1,00
10	0,99	1,00	52	0,92	0,95
11	1,00	1,00	53	0,85	0,98
12	0,97	1,00	54	0,94	0,98
13	0,81	0,80	55	0,92	0,89
14	0,99	1,00	56	0,85	0,92
15	0,99	1,00	57	0,93	1,00
16	1,00	1,00	58	1,00	1,00
17	0,98	1,00	59	0,92	0,97
18	1,00	1,00	60	0,99	0,98
19	1,00	1,00	61	1,00	1,00
20	0,94	0,98	62	1,00	1,00
21	0,86	0,94	63	0,95	0,99
22	0,97	0,98	64	1,00	1,00
23	0,82	0,94	65	0,98	1,00
24	1,00	1,00	66	0,86	0,91
25	1,00	1,00	67	0,66	0,82
26	0,93	0,96	68	0,99	1,00
27	0,99	1,00	69	1,00	1,00
28	1,00	1,00	70	1,00	1,00
29	1,00	1,00	71	0,94	0,95
30	1,00	1,00	72	0,83	0,86
31	0,93	0,93	73	1,00	1,00
32	1,00	1,00	74	0,78	0,80
33	1,00	1,00	75	0,86	0,94
34	0,99	1,00	76	1,00	1,00
35	1,00	1,00	77	0,98	1,00
36	1,00	1,00	78	0,99	0,97
37	0,92	0,99	79	0,95	1,00
38	1,00	1,00	80	1,00	1,00
39	1,00	1,00	81	1,00	1,00
40	1,00	1,00	82	0,95	1,00
41	1,00	1,00	83	1,00	1,00
42	1,00	1,00			
Média	0,96	0,98			
DP ±	0,06	0,04			

Como um meio de comparação, foram também geradas soluções que consideram o vetor de custo AET, o qual tem como resposta uma única rede de quadículas. Quando a localização das quadículas selecionadas para a PMV de 500 é comparada com as soluções geradas sem o vetor de custo AET, vemos o mesmo padrão de distribuição das quadículas selecionadas parecido. As quadículas de maior insubstituibilidade estão presentes na solução onde o vetor de custo AET foi utilizado. Isto pode ser constatado ao compararmos os seguintes mapas: Figura 2 e Figura 18; Figura 3 e Figura 19.

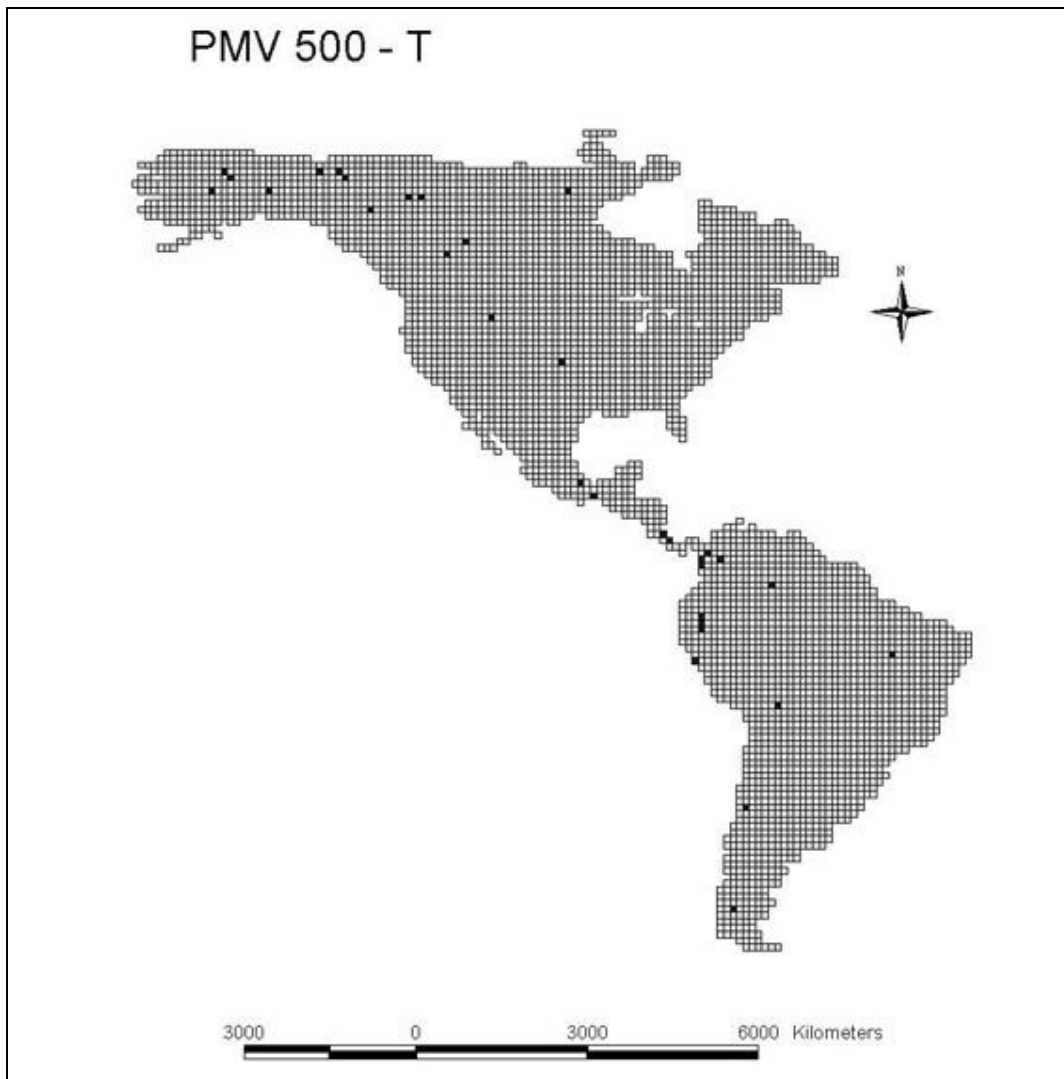


Figura 18: Padrão espacial da solução gerada para a matriz T quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 500 indivíduos.

Quando somente dados ecológicos são utilizados, a variação genética não é bem representada como quando os dados da variação genética das populações são considerados no planejamento de seleção de áreas. Porém, quando tais dados de variação estão presentes para poucas espécies, as que não apresentam tais dados deixam de ser tão bem representadas, o que prioriza as metas de conservação de algumas espécies em detrimento das de outras.

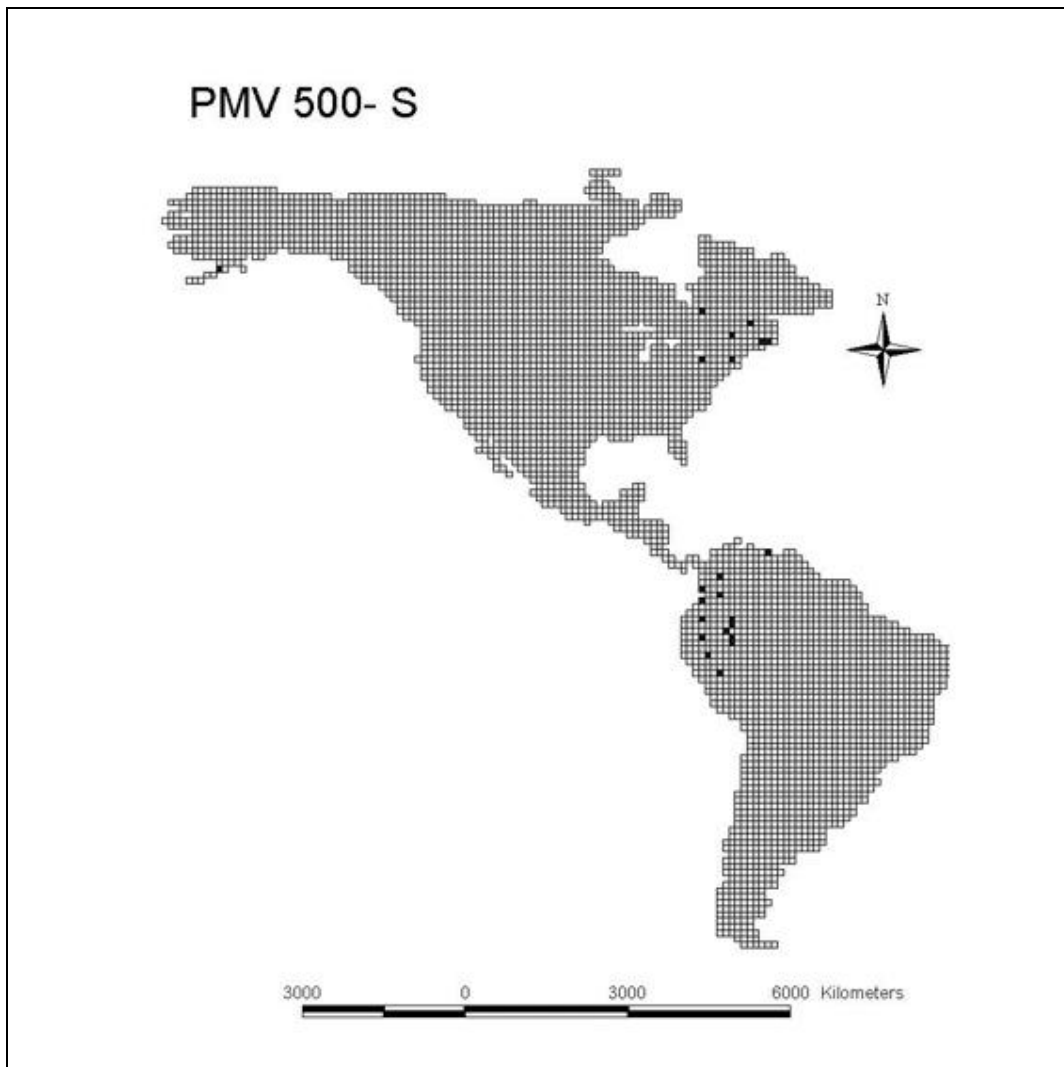


Figura 19: Padrão espacial da solução gerada para a matriz S quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 500 indivíduos.

Com o aumento da PMV para 1000 indivíduos, o mesmo padrão de localização das células é observado, assim como com a PMV de 500, como pode ser observado comparando-se: Figura 6 e Figura 20; Figura 7 e Figura 21. Observa-se que, quando há aumento da PMV, as espécies que não possuem dados de variação genética passam a ser mais bem representadas, pois os locais de ocorrência de subespécies têm maior probabilidade de entrarem na rede de soluções.

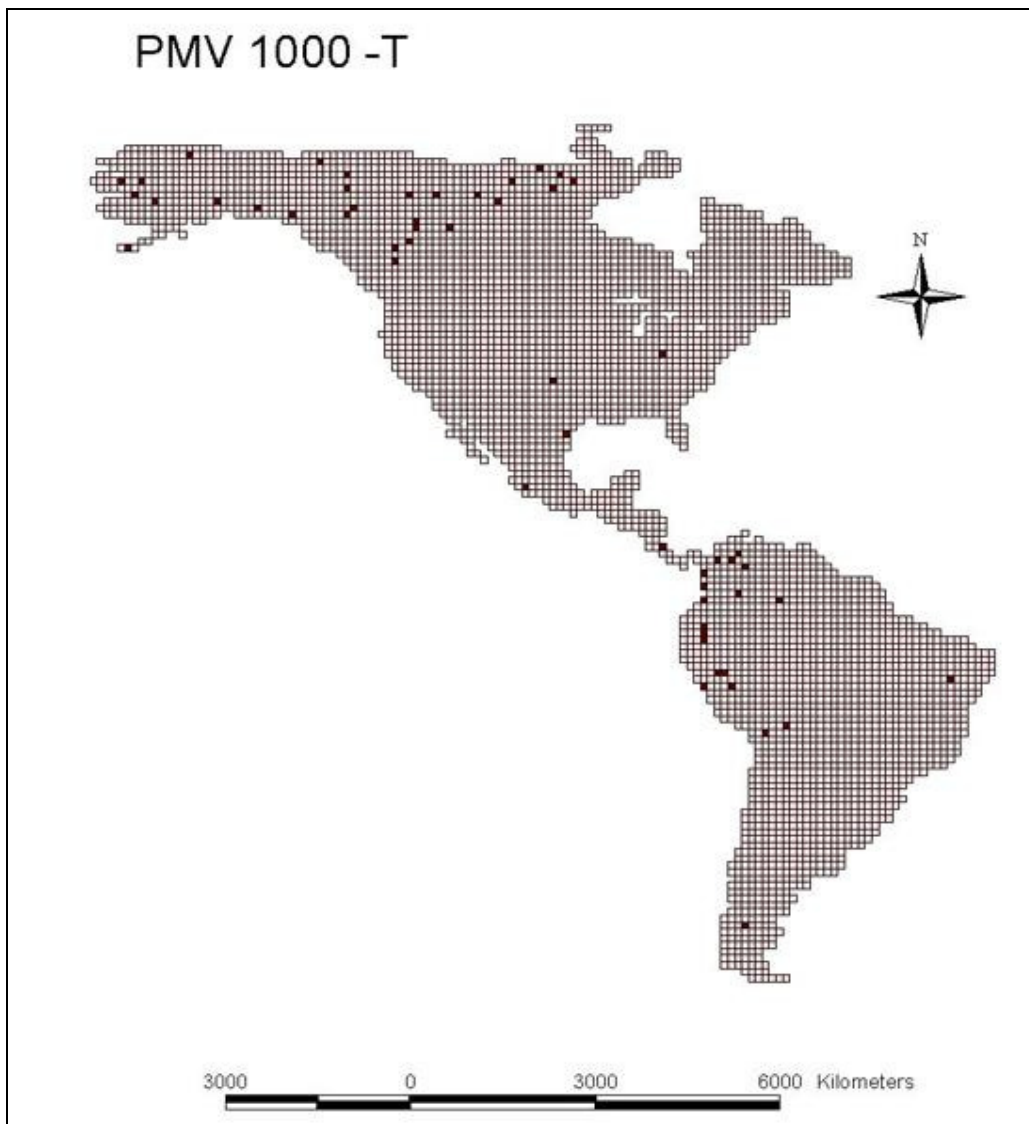


Figura 20: Padrão espacial da solução gerada para a matriz T quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 1000 indivíduos.

Ou seja, o aumento da PMV pode prejudicar a representação de algumas espécies, já que a meta depende fundamentalmente da massa corporal e densidade das espécies, no caso estudado. Portanto, para algumas espécies, devido ao grande tamanho corporal e à baixa densidade populacional, o aumento da PMV causa um inchaço da área em torno da localização geográfica desta espécie, o que restringe a inclusão de

quadrículas que beneficiariam outras espécies de menor porte. Não se pode deixar de citar que ambas as espécies têm o mesmo valor para conservação (no caso estudado). A PMV, por estar relacionada com a persistência dos alvos, é um fator que deve ser atentamente considerado quando trabalhamos com alvos múltiplos.

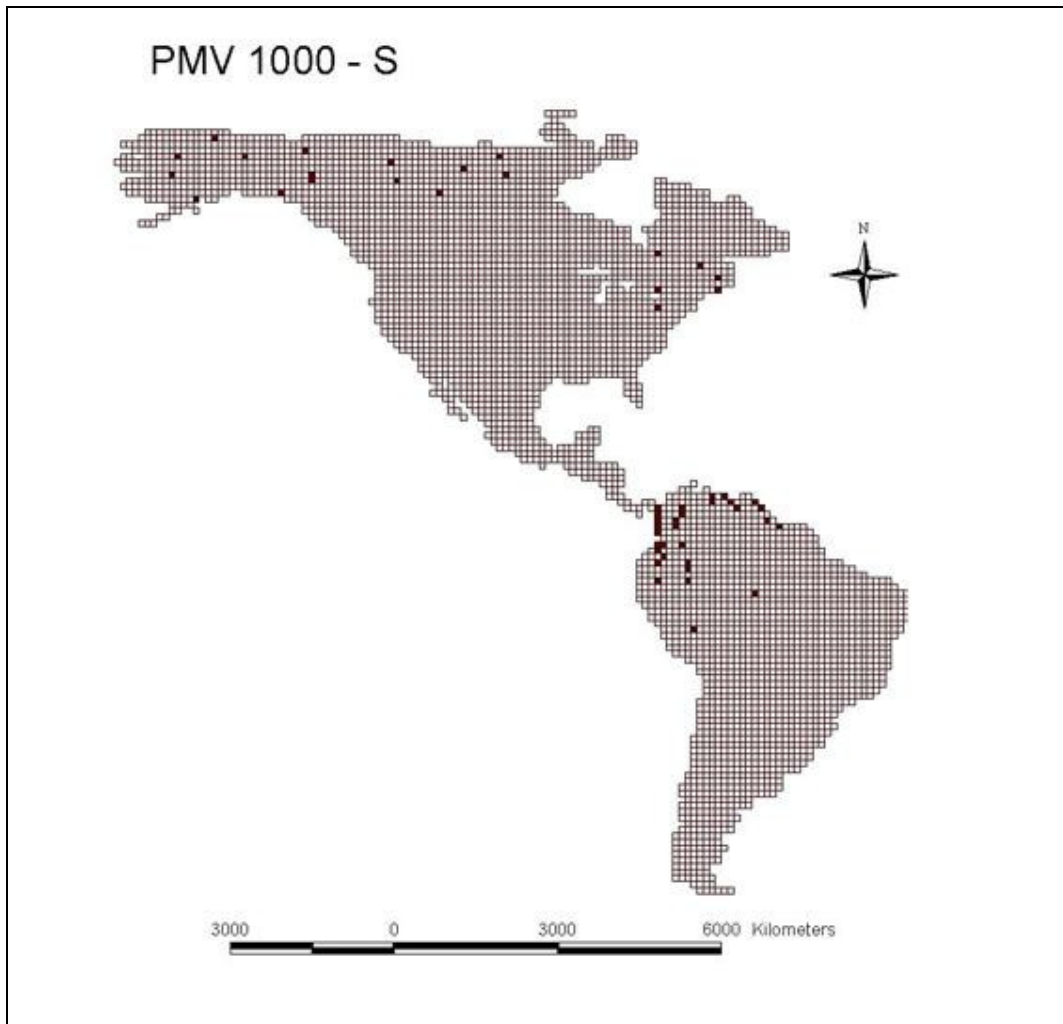


Figura 21: Padrão espacial da solução gerada para a matriz S quando o vetor de custo AET é utilizado, considerando a PMV de 1000 indivíduos.

As áreas selecionadas, quando a matriz T foi considerada, são compatíveis com áreas de *hotspots* demonstradas por Myers (2000). Por definição, *hotspots* são áreas de

excepcional concentração de espécies endêmicas que sofrem com perda de habitat (Myers, 2000). De fato, as áreas selecionadas são importantes para espécies endêmicas, porém, quando comparadas com a seleção de áreas feita para a matriz Ss (considerando somente as espécies com subdivisões genéticas), percebemos a importância de outras áreas além destes *hotspots*, o que levaria o foco de conservação, além da representatividade dos alvos, para a persistência evolutiva dos últimos. A Mesoamérica, a região dos Andes Tropicais o Oeste do Equador e o Cerrado são áreas de endemismo de espécies de mamíferos, como visto em Myers, mas quando os dados de diversidade genética são considerados percebemos uma certa desconcentração dessas áreas, mesmo com poucos dados disponíveis, salientando a importância da utilização de tais dados quando o foco é a persistência evolutiva dos alvos considerados.

Brooks *et al.* (2004) discutiram a importância da utilização de dados ecológicos, juntamente com dados de espécie no planejamento de conservação, destacando a importância da utilização dos dados ecológicos para complementação das lacunas que ainda temos nos registros de dados de espécies. As limitações dos dados existentes e do custo para aprimoramento dos dados de espécie é um dos motivos pelo qual devemos utilizar dados variados no planejamento de áreas para conservação, nem dados ecológicos nem dados de espécie são completos suficientes para garantir a escolha segura de uma área onde a representatividade das espécies e persistência a longo prazo sejam alcançadas (Brooks *et al.*, 2004). O estudo da variação genética das populações pode ser utilizado como mais uma ferramenta na conservação da biodiversidade. Quando o intuito é de otimizar a escolha de áreas prioritárias principalmente quando a persistência evolutiva dos alvos é uma meta a ser alcançada deve-se pensar na utilização da maior quantidade de dados disponíveis.

A obtenção de dados de variabilidade genética implica grande investimento financeiro e leva tempo, mas mesmo com poucos dados utilizados pudemos observar a diferença na escolha de áreas, o que leva a concluir que são de fato importantes e relevantes quando associados a dados das espécies e dados ecológicos.

Conclusão

Utilizar somente dados ecológicos das espécies, baseando-se na definição taxonômica, nem sempre garante persistência em longo prazo e persistência evolutiva dos alvos considerados. Porém, a utilização de tais dados é importante em conjunto com dados genéticos, fazer uso de ambos no planejamento de reservas pode garantir uma maior eficiência na escolha destas áreas. Mas, quando somente uma pequena parte das espécies em estudo apresenta dados genéticos disponíveis, as redes tendem a priorizar tais espécies em detrimento das outras que não o possuem. Assim deve haver consenso no uso de dados ao se planejar uma área prioritária de conservação para alvos múltiplos.

A inclusão de dados da variabilidade genética das espécies no planejamento de áreas prioritárias para conservação muda a configuração espacial das quadrículas selecionadas. Colocar subdivisões genéticas das espécies como alvos de conservação garante uma melhor amostragem destas melhorando a persistência evolutiva dos alvos.

Assim, demonstra-se que a incorporação da diversidade genética pode melhorar a representação da biodiversidade e, sob certos pressupostos, aumentar a persistência dos alvos de conservação. Porém, é necessário que dados genéticos mais precisos e de espécies com pouco apelo carismático, em grandes escalas geográficas, sejam gerados rapidamente.

Referências Bibliográficas

- Andelman S., Ball I., Davis F., Stoms D. (1999) SITES v 1.0 – An analytical toolbox for designing ecoregional conservation portfolios. Technical report, The Nature Conservancy. <http://www.biogeog.uscb.edu/projects/tnc/toolbox.html>
- Araújo M.B., Williams P.H. (2000) Selecting areas for species persistence using occurrence data. *Biological Conservation* 96: 331-345.
- Brooks T., Da Fonseca G.A.B., Rodrigues A.S.L. (2004) Species, Data and Conservation Planning. *Conservation Biology*, Vol. 18 6:1682 – 1688.
- Burt W.H., e Grossenheider R.P. (1980) A field guide to the mammals. 3º edição. Houghton Mifflin Company, Boston and New York.
- Cabeza M., Moilanen A. (2001) Design of reserve network and the persistence of biodiversity. *Trends in Ecology and Evolution* 16:242-248.
- Chapman J.A., e Feldhamer G.A. (1990) Wild mammals of north america. The Johns Hopkins University Press, Baltimore and London.
- Church R.L., Stoms DM, Davis FW (1996) Reserve selection as a maximal covering location problem. *Biological Conservation* 76:105-112.
- Cohan F.M. (1984) Can uniform selection retard random genetic divergence between isolated conspecific populations? *Evolution* 38: 495-504.
- Crandall K.A., Bininda-Emonds O.R.P., Mace G.M., Wayne R.K (2000) Considering evolutionary processes in conservation biology. *TREE* 15: 290-295
- Crozier R.H. (1997) Preservin the information content of species: genetic diversity, phylogeny, and conservation worth. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 28:243–68.
- Crozier R.H. (1992) Genetic diversity and the agony of choice. *Conservation Biology* 61: 11-15

- Csuti B., Polasky S., Williams P.H., Pressey R.U., Camm J.D., Kershaw M. Kierster R.,
Downs B., Hamilton R. Huso M., Sahr K. (1997) A comparison of reserve selection
on terrestrial vertebrates in Oregon. *Biological Conservation* 80: 83-97
- Diniz-Filho J.A.F. e Tôrres N.M. (2002) Phylogenetic comparative methods and the
geographic range size – body size relationship in new world terrestrial carnivore.
Evolutionary Ecology 16: 351 – 367.
- Diniz-Filho J.A.F. (2003) Phylogenetic diversity and conservation priorities under
distinct models of phenotypic evolution. *Conservation Biology* 18: 698-704.
- Diniz-Filho J.A.F., Bini L.M., Pinto M.P. Rangel T.F.L.V.B., Carvalho P., Bastos
R.P.,(2005) Anuran species richness, complementarity and conservation conflicts in
Brazilian cerrado. *Acta Oecologica* ?: ?-?
- Diniz-Filho J.A.F. & Telles M.P.C. (2006) Optimization procedures for establishing
reserve networks for biodiversity conservation taking into account population
genetic structure. *Genetics and molecular Biology* 29: 207-214.
- Dragoo J.W., Honeycutt R.L., Schmidly D.J. (2003) Taxonomic status of white-backed
hog-nosed skunks genus *coneptatus* (carnivore: mephitidae). *Journal of Mammalogy*
84 (1) 159 – 176.
- Eisenberg J.F. (1989) *Mammals of the neotropics*, Vol.1. University of Chicago Press,
Chicago.
- Eizirik E., Bonatto S.L., Johnson W.E., Crawshaw P.G., Cristophe V., Brousset D.M.,
O'Brien J.O., Salzano F.M. (1998) Phylogeographic patterns and evolution of the

- mitochondrial DNA control regions in two neotropical cats (Mammalia, Felidae).
Journal of Molecular Evolution 47: 613 – 624.
- Eizirik E., Kim J-H, Raymond M.M, Crawshaw P.G., O'Brien S.J., Johnson W. (2001)
Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, Mammalia, Felidae). Molecular Ecology 10: 65 – 79.
- Emmons L.H. (1997) Neotropical rainforest mammals: a field guide. 2° ed. University
of Chicago Press, Chicago.
- Ferrier S., Pressey R.L., Barret T.W. (2000) A new predictor of irreplaceability of areas
for achieving a conservation goal, its application to real-world planning, and a
research agenda for further refinement. Biological Conservation 93: 303 – 325.
- Fleming M.A., Cook J.A. (2002) Phylogeography of endemic ermine (*Mustela erminea*) in southeast Alaska. Molecular Ecology 11: 795 – 807.
- Forbes S.H. e Boyd D.K (1997) Genetic structure and migration in native and
reintroduced rocky mountain wolf populations. Conservation Biology 11: 1226 –
1234.
- Frankham R., Ballou J.D., Briscoe D.A., (2002) *Introduction to Conservation Genetics*.
Cambridge University Press, Cambridge.
- Futuyma D.J. (1942) *Biologia Evolutiva* 2. Ed. Ribeirão Preto, FUNPEC – RP (2002).
- Gaston K.J. (1994) *Rarity*. Chapman & Hall, London.
- Hawkins, B. A., E. Porter & J. A. F. Diniz-Filho. 2003. Productivity And History As
Predictors Of The Latitudinal Diversity Gradient Of Terrestrial Birds. Ecology 84:
1608-1623

- Howard P.C.; Viskanic P., Davenport T.R.B., Baltzer M., Dickinson C.J., Lwanga J.S., Matthews R.E., Balmford A. (1998) Complementarity and the use of indicator groups for reserve selection in Uganda. *Nature* 394: 472- 475.
- Isaac N.J.B., Mallet J., Mace G.M. (2004) Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 19.
- Kyle C.J., Weir R.D., Newhouse N.J., Davis H., Strobeck C. (2004) Genetic structure of sensitive and endangered northwestern badger populations (*Taxidea taxus taxus* and *T.T. jeffersonii*). *Journal of Mammalogy* 85 (3): 633 – 639.
- Lawler J.J., White D., Master L.L. (2003) Integrating representation and vulnerability: two approaches for prioritizing areas for conservation. *Ecological Applications* 13:1762-1772
- Mace G.M., Gittleman J.L. e Purvis, A. (2003) Preserving the tree of life. *Science* 300:1707– 1709.
- Margules CR, Pressey RL (2000) Systematic conservation planning. *Nature* 405:243-253.
- Matsushashi T., Masuda R. Tsutomu M., Murata K., Aiurzaniin A. Phylogenetic relationships among worldwide populations of the brown bear *Ursus arctos*. *Zoological Science* 18: 1137 – 1143.
- May R.M. (1990) Taxonomy as destiny. *Nature* 347: 129-130
- Moritz C., (1994) Defining “evolutionary significant unitis” for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9:373-375.
- Paetkau D., Lisette P.W., Clarkson P.L., Craighead L., Vyse E., Ward R., Strobeck C.(1998) Variation in genetic diversity across the range of north Americanbrown bear. *Conservation Biology* 12: 418 – 429.

- Paetkau D., (1999) Using genetics to identify intraspecific conservation units: a critique of current methods. *Conservation Biology* 13:1507-1509.
- Pinto M., Diniz-Filho J.A.F., Bini L.M., Blamires D., Rangel T.F. L.V.B. (2008) Biodiversity surrogate groups and conservation priority areas: birds of the Brazilian Cerrado. *Diversity and Distributions* 14: 18 – 86.
- Possingham H., Ball I., Andelman S. (2000) Mathematical methods for identifying representative reserve networks. In: Ferson S., Burgman M., (eds.) *Quantitative methods for conservation biology*. Pp. 291 – 306. Springer, New York.
- Pressey R.L. (2004) Conservation planning and biodiversity: assembling the best data for the job. *Conservation Biology* 18: 1677-1681.
- Pressey R.L., Possingham HP, Day JR (1997) Effectiveness of alternative heuristic algorithms for identifying indicative minimum requirements for conservation reserves. *Biological Conservation* 80:207-219.
- Pressey R.L., Humphries C.J., Margules C.R., Vane-Wright R.I., Williams P.H. (1993) Beyond opportunism: key principles for systematic reserve selection. *Trends in Ecology and Evolution* 8: 124-128.
- Pywell R.F., Bullock J.M., Hopkins A., Walker K.J., Parks T.M., Burke M.W. and Peel S. (2002) Restoration of species-rich grassland on arable land: assessing the limiting processes using a multi-site experiment. *J. Appl. Ecol.* 39: 294–309.
- Redford K.H., e Eisenberg J.F. (1992) *Mammals of the neotropics*, Vol.2. University of Chicago Press, Chicago.
- Redford K.H., e Eisenberg J.F. (1999) *Mammals of the neotropics*, Vol.3 University of Chicago Press, Chicago.

- Reed D.H., O'Grady J.J., Brook B.W., Ballou J.D., Frankham R. (2002) Estimates of minimum viable population sizes for vertebrates and factors influencing those estimates. *Biological Conservation* 113: 23 – 24.
- Robinson R.A. and Sutherland W.J. (2002) Post-war changes in arable farming and biodiversity in Great Britain. *Journal of Applied Ecology* 39: 157–176.
- Rodrigues S.L., Gaston K.J (2001) Maximising phylogenetic diversity in the selection of networks of conservation areas. *Biological Conservation* 105: 103-111.
- Silva M. e Dowing J.A. (1995) The allometric scaling of density and body mass: a nonlinear relationship for terrestrial mammals. *The American Naturalist* 145: 704 – 727.
- Stevens R.T., Kennedy M.L., Kelley V.R. (2005) Genetic structure of mink (*Mustela vison*) populations. *Southwestern Naturalist* 50 (3): 350 – 355.
- Sunnucks P. (2000) Efficient genetic markers for population biology. *Trends in ecology and evolution* 15: 199-203.
- Tchaicka L., Eizirick E., Oliveira T.G, Cândido J.F., Freitas T.R.O. (2007) Phylogeography and population history of the crab-eating fox (*Cerdocyon thous*). *Molecular Ecology* 16: 819 – 838.
- Vane-Wright, R.I., Humphries C.J., Williams P.H. (1991) What to protect? Systematics and the agony of choice. *Biological Conservation* 55: 235-254.
- Vilà C., Amorim I.R., Leonard J.A., Posada D., Castroviejo J., Petrucci-Fonseca F., Crandall K.A., Ellergren H., Wayne R.K. (1999) Mitochondrial DNA phylogeography and population history of the grey wolf *Canis Lupus*. *Molecular Ecology* 8: 2089 – 2103.

- Waits L.P., Talbot S.L., Ward R.H., Shields G.F. (1998) Mitochondrial DNA phylogeography of the north American brown bear and implications for conservation. *Conservation Biology* 12: 408 – 417.
- Whittaker, R.J., Araújo, M.B., Jepson, P., Ladle, R.J., Watson, J.E.M., Willis, K.J., 2005. Conservation biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distribution* 11, 3–23.
- Williams P.H., (1992) Worldmap: priority areas for biodiversity (demonstration program). Privately distributed, London.
- Williams JC, ReVelle CS, Levin SA (2004) Using mathematical optimization models to design nature reserves *Front Ecol Environ* 2: 98-105.
- Wilson D.E., e Reeder D.M. (1993) Mammal species of the world: a taxonomic and geographic reference. 2º ed. Smithsonian Institution Press, Washington.