



## **ESTRUTURA GENÉTICA DA POPULAÇÃO SILVESTRE DE *LEONTOPITHECUS CHRYSOMELAS* NO SUL DA BAHIA, BRASIL.**

Andreia Magro Moraes – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Laboratório de Ciências Ambientais (LCA), Campos dos Goytacazes, RJ. andreiamagro@uenf.br ;  
Adriana D. Grativol – UENF, LCA, Campos dos Goytacazes, RJ. Kristel Vleeschouwer – Royal Zoological Society of Antwerp, Centre for Research and Conservation. Carlos R Ruiz-Miranda – UENF, LCA, Campos dos Goytacazes, RJ.

### **INTRODUÇÃO**

*Leontopithecus chrysomelas* (mico-leão-da-cara-dourada, MLCD) é um primata de pequeno porte endêmico da Mata Atlântica. Sua área de distribuição original abrange o sul da Bahia (19.043 km<sup>2</sup>) e o norte de Minas Gerais (418 km<sup>2</sup>). Na porção oeste baiana de sua ocorrência predomina vegetação semidecidual altamente fragmentada e, na região leste, formações de floresta ombrófila madura e secundária conectadas por agrossistemas de cacau (cabruças), que formam um mosaico de mata relativamente contínua (Pinto & Rylands, 1997; Raboy & Dietz, 2004). Apesar de possuir melhor estado de conservação, com estimativa populacional e área de distribuição geográfica maior que os demais micos (Pinto & Rylands, 1997), o MLCD encontra-se na categoria “ameaçado” devido a destruição e fragmentação de seu hábitat natural e a conversão das cabruças em outras culturas agrícolas ou pastagens (Pinto & Rylands, 1997; Kierulff et. al., 2008). Pesquisa recente mostrou que seu status de conservação tem se agravado, especialmente no sudoeste baiano, onde não há mais habitats capazes de preservar 98% da heterozigosidade da espécie (Zeigler et al., 2010).

### **OBJETIVOS**

O objetivo foi avaliar a estrutura genética das populações silvestres de MLCD que usam diferentes habitats no sul da Bahia, com o intuito de subsidiar programas de conservação.

### **MATERIAL E MÉTODOS**

Amostras de 153 indivíduos de MLCD foram analisadas: 09 do fragmento Barro Branco no sudoeste baiano e 105 da Reserva Biológica de Una (ReBio-Una), 21 de cabruças no município de Ilhéus e os demais de mosaicos de florestas – Ararauna (10) e Teimoso (8) – localizados no sudeste da Bahia. Na ReBio-Una foram amostrados 15 grupos sociais com relativa movimentação e migração entre eles; em Barro Branco 02; em Ilhéus 03; e nas demais áreas 01 grupo social. O DNA foi extraído de amostras de pelo cedidas pelo “Consórcio Mico-Leão-da-Cara-Dourada”, seguindo o protocolo de extração de DNA DNeasy da QIAGEN. Regiões de DNA microssatélites foram amplificadas através do método de PCR, utilizando onze primers modificados com fluorescência: quatro específicos para *L. chrysopygus* – Leon2, 21, 27 e 30 (Perez-Sweeney et al., 2005)– e sete para *L. chrysomelas* – Lchu1, 3, 4, 5, 6, 8 e 9 (Galbusera & Gillemot, 2008). A reação de PCR seguiu o protocolo padrão, com as modificações necessárias, e foram submetidas ao seqüenciador automático. Para análise dos dados foram excluídos os indivíduos com menos de 50% de eficiência nas ampliações. O programa ML Relate (Kalinowski et al., 2006) foi utilizado para identificar os indivíduos relacionados, que também foram removidos. A análise de estrutura genética foi realizada usando o software STRUCTURE 2.3 (Pritchard et al., 2000) com 10 corridas independentes

para  $K = 1-8$  e o modelo Admixture.

## RESULTADOS

Para 49 indivíduos de MLCD não relacionados, o menor valor da probabilidade a posteriori logaritimizada de  $K$  [ $\Pr(X/K)$ ] (dado como  $\text{LnP}(D)$  no STRUCTURE)(Pritchard *et al.*, 2000) ocorreu quando  $K=1$  ( $\text{LnP}(D) = -1.415$ ;  $DP = 0,3$ ), indicando a presença de população estruturada. O maior valor foi observado em  $K= 5$  ( $\text{LnP}(D) = -1.160,6$ ;  $DP = 0,5$ ) e o segundo maior em  $K=4$  ( $\text{LnP}(D)= -1.197,4$ ;  $DP = 0,95$ ). Quando  $K=4$ , Rebio-Una e Ararauna foram considerados como uma única população. Estimativas de  $K$  também foram realizadas utilizando o valor modal de  $\Delta K$ , baseado na segunda ordem de mudanças da probabilidade de distribuição de cada  $K$  dividido pelo seu desvio padrão (Evanno *et al.*, 2005). Também para esse método, o maior valor foi alcançado em  $K= 5$  ( $\Delta K= 134,9$ ). Quando  $K=5$  foram observados os clusters: Ilheus, Ararauna, ReBio-Una, Teimoso e Barro Branco. Analisada separadamente, Ararauna apresentou o menor número de alelos médios por locus ( $2,1\pm 0,7$ ) e obteve dois locos fixados.

## DISCUSSÃO

Os 49 indivíduos de MLCD estão, provavelmente, estruturados em 5 populações onde, considerar 4 ou 5 clusters, depende do nível de hierarquia analisado. O agrupamento ou separação da ReBio-Una e Ararauna permitem esse viés. As duas regiões estão geograficamente distanciadas por 20 Km de mosaicos de florestas. O alto valor atribuído a  $K=4$  indica que a Rebio e Ararauna conservam certo grau de parentesco entre si. Entretanto, os MLCD de Ararauna podem estar sofrendo os efeitos da deriva genética, indicada pelo maior valor de  $\text{LnP}(D)$  dado  $K=5$  e a redução do número de alelos. Em situação similar, os grupos sociais de Ilheus constituíram um único cluster, apesar de possuírem alelos privados entre si e estarem geograficamente separados por uma BR. Esse resultado mostra a influência da BR sobre o fluxo gênico, apesar dela não agir suficientemente para a estruturação populacional.

## CONCLUSÃO

Diferentemente do esperado, a conservação do MLCD não está garantida pela conectividade oferecida pelas cabucas. A continuidade da paisagem é relativa, havendo lacunas nas “florestas” constituídas por pastagens, outros cultivos que tem substituído as cabucas, entre outros. Esses pontos de desflorestamento podem estar sendo decisivos na estruturação genética, sendo necessário mais cuidado ao avaliar a conectividade e conservação do MLCD, assim como dos demais micos-leões.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- GALBUSERA, P.H.A. & GILLEMOT, S. 2008. Polymorphic microsatellite markers for the endangered golden-headed lion tamarin, *Leontopithecus chrysomelas* (Callitrichidae). *Conservation Genetic*, 9: 731-733.
- KALINOWSKI S.T., A.P. WAGNER & TAPER M.L. 2006. ML-Relate: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes*, 6:576-579.
- KIERULFF, M.C.M., RYLANDS, A.B., MENDES. S.L. & DE OLIVEIRA, M.M. 2008 *Leontopithecus chrysomelas*. In: IUCN 2011. IUCN Red List of Threatened Species. Versão 2011.1: [www.iucnredlist.org](http://www.iucnredlist.org) em 21/05/2011.
- PEREZ-SWEENEY, B.M., VALLADARES-PADUA, C., BURREL, A.S., FIORE, A. DI, SATKOSKI, J., GROOT, P.J.V.C., BOAG, P.T. & D.J. MELNICK. 2005. Dinucleotide microsatellite designed for a critically endangered primate, the black lion tamarin. *Molecular Ecology* 5:198-201.
- PINTO, L.P.S. & RYLANDS A.B. 1997. Geographic distribution of the golden-headed lion tamarin,

*Leontopithecus chrysomelas*: implications for its management and conservation. *Folia Primatologica*, 68: 3-5.

PRITCHARD, J. K., STEPHENS, M., AND DONNELLY, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945–959

RABOY, B. & DIETZ, J. 2004. The use of degraded and shade cocoa forest by endangered golden-headed lion tamarins *Leontopithecus chrysomelas*. *Oryx*, 38(1): 75-83.

ZEIGLER, S.L., FAGAN, W. F., DEFRIES, R. & RABOY, B.E. 2010. Identifying important forest patches for the long-term persistence of the endangered golden-headed lion tamarim (*Leontopithecus chrysomelas*). *Tropical Conservation Science*, 3(1): 63-77.