



ANALISE DA FUNCIONALIDADE DE DUAS UNIDADES DE CONSERVAÇÃO PARA MANUTENÇÃO DE *Eschweilera ovata* (CAMBESS) MART. (LECYTHIDACEAE) NO SUL DA BAHIA

Alessandro Souza Santos – Universidade Estadual de Santa Cruz, Departamento de Ciências Biológicas, Ilhéus, BA.
alesandrouesc@gmail.com;

Roberto Tarazi - Universidade Estadual de Santa Cruz, Departamento de Ciências Biológicas, Ilhéus, BA.
robertotarazi@gmail.com

Fernanda Amato Gaiotto- Universidade Estadual de Santa Cruz, Departamento de Ciências Biológicas, Ilhéus, BA.
gaiotto@uesc.br

INTRODUÇÃO

O domínio fitogeográfico Mata Atlântica é um hotspot prioritário para conservação (Myers *et al.*, 2000), com abrangência originalmente de 1.3953.849 km² (Ribeiro *et al.*, 2009). Dentro deste domínio destaca-se a Mata Atlântica sul baiana, possuindo uma das maiores riquezas e endemismo de espécies florestais do mundo (Thomas *et al.*, 1998). Contudo, devido ações antrópicas de fragmentação e desmatamento esse domínio foi reduzido para cerca de 12% da extensão original (Ribeiro *et al.*, 2009). Essas ações potencialmente podem ocasionar: i) redução no tamanho das populações, ii) isolamento por distância, iii) perda de diversidade e variabilidade genética, influenciando nas taxas de extinções e abundância de espécies (Kageyama *et al.*, 1998; Cordeiro *et al.*, 2001). Frente a atual perda de habitat torna-se estratégico para conservação, estudos genéticos de espécies chaves, para compreender os processos genéticos e extrapolar para conservação e manejo de outras espécies evolutivamente relacionadas (Kageyama *et al.*, 2003). Para o presente estudo foi selecionada a espécie *Eschweilera ovata* (Cambess) Mart. Ex Miers (Lecythidaceae), com ampla ocorrência na Mata Atlântica, floresta amazônica, cerrado e caatinga, considerada espécie chave na recuperação de áreas degradadas (Smith *et al.*, 2012). Para acessar a diversidade haplótipica foram utilizados marcadores microssatélites cloroplastidiais (cpSSR) desenvolvidos por Weising e Gardner (1999). Estes marcadores foram empregados em estudos filogeográficos (Avisé *et al.*, 2008), e principalmente orientando estratégias de conservação (Moreno *et al.*, 2009).

OBJETIVOS

O trabalho teve como objetivo analisar a funcionalidade de duas unidades de conservação (UC) do sul da Bahia, na manutenção da diversidade haplótipica de *E.ovata*, buscando responder a seguinte pergunta: Será que as unidades de conservação retêm maior diversidade haplótipica se comparado a uma área fora de UC?

MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido no domínio mata atlântica da região sul baiana nas seguintes áreas: Reserva Biológica de Una (ReBio), Parque Municipal Boa Esperança (PMBE) e numa restinga fora de UC em Ilhéus. Foram realizadas coletas de material foliar de 15 indivíduos adultos de *E. ovata*, espacialmente distantes entre si (± 100 m) em cada área. Para realizar análises genéticas, foram realizadas extração de DNA genômico total de todos os indivíduos. Posteriormente, foram utilizados sete locos cpSSR por meio de reações de PCR, utilizando caudas M13

fluorescentes e genotipagem no sequenciador ABI 3130. As análises genéticas foram obtidas através do software Haplotype Analysis versão 1.04 (Eliades e Eliades, 2009).

RESULTADOS

Os sete locos cpSSR originaram treze haplótipos, sendo dez exclusivos para alguma das três áreas em estudo. O haplótipo dez foi o mais frequente na Restinga com 60% e no PMBE com 46,6%. O segundo haplótipo mais frequente foi o três em 60% dos indivíduos da ReBio. O terceiro haplótipo mais representativo foi o treze, estando presente em 26,6% dos indivíduos da Restinga, 6,7% da ReBio e 13,3% do PMBE. A área do PMBE foi detentora de cinco haplótipos exclusivos, a ReBio com quatro e a Restinga com apenas um. A área PMBE destacou-se sendo detentora de sete haplótipos, a ReBio com seis e Restinga com quatro. Na análise de haplótipos efetivos, o PMBE apresentou 3,689, a ReBio 2,273 e Restinga com 2,528. A diversidade genética (H_e) do PMBE foi de 0,781, na ReBio foi de 0,648 e na Restinga 0,600. Para os resultados da diversidade genética intrapopulacional a área detentora de maior índice foi PMBE, seguido pela ReBio e a Restinga foi detentora da menor diversidade genética.

DISCUSSÃO

A presença de haplótipos exclusivos reflete a importância destas áreas para manutenção da diversidade haplotípica, justificando o investimento na manutenção destas UCs. A área Restinga apresentou exclusividade para um haplótipo que poderá ser perdido, pois não está numa UC. O PMBE e ReBio apresentaram maior riqueza de haplótipos e maior diversidade intrapopulacional se comparado à área fora de UC, evidenciando grande relevância para manutenção do potencial evolutivo de *E. ovata*, sendo consideradas prioritárias para estratégias futuras de conservação, considerando-se que restam apenas 12% da extensão original da Mata Atlântica (Ribeiro *et al.*, 2009). O baixo número de haplótipos efetivos encontrado nas áreas sugere que elas são sensíveis a quaisquer tipos de perturbações demonstrando a importância das UCs para conservação da espécie. O compartilhamento de haplótipos entre as áreas sugere que no passado elas apresentavam dinâmica de metapopulação, demonstrando a importância de estratégias que visem conectar remanescentes florestais desta região, como por exemplo, o corredor prioritário Conduru-Una, que contempla as localidades do presente estudo.

CONCLUSÃO

Os resultados obtidos para *E. ovata* no PMBE e na ReBio confirmam a funcionalidade destas UCs para manutenção a longo prazo da viabilidade dessas subpopulações e grande relevância destas áreas para conservação da espécie. O haplótipo exclusivo da área Restinga demonstra a necessidade de mais estudos neste local com grande potencial para estratégias futuras de conservação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AVISE, J. C. 2008. Phylogeography: retrospect and prospect. *Journal of Biogeography*, v. 36, 3–15.
- CORDEIRO, N.J.; HOWE, H.F. 2001. Low Recruitment of Trees Dispersed by Animals in African Forest Fragments. *Conservation Biology*, v.15, p. 1733-1741.
- ELIADES N-G., ELIADES D. G. 2009. HAPLOTYPE ANALYSIS: software for analysis of haplotypes data. Distributed by the authors. Forest Genetics and Forest Tree Breeding, Georg-August University Goettingen, Germany .
- KAGEYAMA, P.Y. *et al.* 2003. Diversidade genética em espécies tropicais de diferentes estágios sucessionais por marcadores genéticos. *Scientia Forestalis* 64:93-107.
- KAGEYAMA, P.Y. & GANDARA, F.B. 1998. Consequências genéticas da fragmentação sobre populações de

espécies arbóreas. Série Técnica Ipef v. 12, n.32, P. 65-70.

Myers, N., R. *et al.* Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403: 853–8, 2000.

MORENO, M.*et al.* 2009. Estrutura genética espacial em populações de *Hymenaea stigonacarpa* Mart. ex Hayne mediante a utilização de marcadores microssatélites cloroplastidiais. *Sci. For.*, Piracicaba, v. 37, n. 84, p. 513-523.

RIBEIRO, M.C. *et al.* 2009. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. *Biological Conservation*, v.142, p.1141-1153.

SMITH, N.P.; MORI, S.A.; PRANCE, G.T. 2012. *Lecythidaceae* in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.

THOMAS, W M Wayt. *et al.* 1998. Plant endemism in two forests in southern Bahia , Brazil. 322: 311–322.

WEISING, K.; GARDNER, R.C. A. 1999. set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Canada. Genome* 42: 9–19.

Agradecimento

Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia