CAPA

BIOLOGIA

# Encruzilhada genética

Baixa diversidade no DNA desafia a preservação das preguiças, que já vivem isoladas em pequenos trechos de mata

MARCOS PIVETTA

entas acrobatas das árvores, as simpáticas preguiças têm baixa diversidade genética.

Estudos recentes, feitos por equipes independentes de universidades de São Paulo e de Minas Gerais, chegaram a essa conclusão. Embora possa ser uma característica natural desses mamíferos, a reduzida variabilidade no DNA pode também ser uma ameaça a mais para os animais, que têm de fugir de seus predadores naturais, da caça ilegal e do encolhimento de seu hábitat. Em linhas gerais, os trabalhos indicam que o isolamento prolongado de grupos desses bichos em pequenas e descontínuas áreas de floresta, em especial na picotada Mata Atlântica, da qual só restam 7% da cobertura original, produziu indivíduos com DNA quase igual no interior de cada população e, ao mesmo tempo, demasiadamente diferente do DNA de membros de agrupamentos distantes. O processo evolutivo fez cada região (ou estado) dar origem a bichos de linhagens genéticas específicas e únicas. "Na Mata Atlântica, por exemplo, há uma clara diferencia-

ção genética entre animais do norte e do sul, causa da provavelmente por distintas mudanças climáticas e no ambiente ocorridas antes da colonização do país", afirma a geneticista Nadia Moraes-Barros, do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo (IB/USP), que estuda a variabilidade molecular de preguiças do gênero Bradypus, de três dedos, num projeto financiado pela FA-PESP. Dentro de uma população de preguiças deve haver muitos relacionamentos entre animais aparentados, talvez pelo fato de o agrupamento ser, aparentemente, muito reduzido e sem comunicação com indivíduos de outras regiões. Em exagero, a consangüinidade em populações de tamanho reduzido pode inviabilizar uma espécie, gerando doenças recessivas e infertilidade.

Cada preguiça no seu galho - Para preservar todas as linhagens genéticas de preguiça, que representam uma potencial vantagem adaptativa diante de novas e eventuais alterações ambientais, os pesquisadores não aconselham misturar animais oriundos de diferentes regiões, ainda que sejam da mesma espécie. Eles acreditam que a recomendação deve ser levada em conta pelos programas de preservação desses mamíferos arborícolas. Se possível, cada preguiça deveria ficar no seu galho. "O ideal era que houvesse centros regionais dedicados a cuidar especificamente dos bichos daquele lugar", diz a bióloga colombiana Paula Lara-Ruiz, que analisou o comportamento, os traços físicos e sobretudo a genética da preguiça-de-coleira (Bradypus torquatus), espécie encontrada apenas no Brasil e ameaçada de extinção, para sua dissertação de mestrado na Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais (PUC/MG). "Cruzar bichos geneticamente muito distintos também pode resultar em filhotes com vários problemas, como de adaptação ao ambiente ou malformações", comenta o geneticista Fabrício Santos, da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG), que orientou as análises genéticas no trabalho de Paula. Os estudos da equipe de Minas contam com recursos da PUC/MG, National Geographic Society, Flora & Fauna International e da Aracruz Celulose.

Hoje existe apenas uma entidade dedicada ao socorro das preguiças no país, o Centro de Reabilitação Reserva Zoobotânica, em Ilhéus, no sul da Bahia, no meio de uma área de Mata Atlântica. Ligado à Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (Ceplac), órgão do Ministério da Agri-

SCAR ECHEVER

cultura, o centro é tocado desde 1992 pela bióloga Vera Lucia de Oliveira, que já ganhou prêmios nacionais e internacionais pelo bom trabalho com as preguiças. Em 13 anos de atividade, cerca de 250 animais, 80% da espécie B. torquatus, foram encaminhados às mãos de Vera. Pelo menos 70 já chegaram ali mortos, em razão de ferimentos e desnutrição, ou não resistiram, apesar dos cuidados dispensados aos bichos. Os demais foram tratados, readaptados à vida selvagem e soltos em reservas da Ceplac. Alguns exemplares que não se mostraram aptos a retornar às matas são mantidos no próprio centro, onde se obteve até a reprodução em semi-cativeiro da preguiça-de-coleira. A bióloga do Ceplac não acredita que misturar espécimes de diferentes estados possa produzir algum efeito negativo, afirmação polêmica que não é aceita por muitos cientistas. "Mas nunca recebi preguiças-de-coleira de outros estados, no máximo preguiças-comuns", explica Vera, recém-nomeada secretária do Meio Ambiente de Ilhéus, que cuida dos bichos como filhos, carregando-os no colo. Profissional de campo, ela dedica a vida a esses simpáticos mamíferos e tem uma relação amistosa, embora às vezes difícil, com os biólogos das universidades, que estudam com mais distanciamento os animais.

As preguiças pertencem a um antigo grupo de mamíferos com placenta encontrado apenas nas Américas, em especial nas do Sul e Central, a ordem dos Xenarthra, que também inclui os tatus e os tamanduás. Entre os Xenarthra, surgidos há aproximadamente 80 milhões de anos, as preguiças foram os animais com maior diversidade de formas. Quase cem gêneros chegaram a ser descritos. Há cerca de 10 mil anos, no final do Pleistoceno, houve uma extinção em massa da fauna nas Américas, causada provavelmente por mudanças climáticas. Entre as perdas, desapareceram quase todos os tipos de preguiças, inclusive as gigantes, que viviam em solo firme. Sobraram apenas exemplares adaptados à vida na copa das árvores, hoje subdivididos em dois gêneros: o Bradypus, as preguiças de três dedos, com quatro espécies, e o Choloepus, as preguiças de dois dedos, com duas espécies. Se existe um país com bichos solitários, que pouco se locomovem e passam até uma semana sem pôr o pé no chão, esse lugar é o Brasil. Das seis espécies vivas e conhecidas, somente uma não pode ser vista comendo folhas dependurada, muitas vezes de cabeça para baixo, em galhos das florestas nacionais, a pequenina Bradypus pygmaeus, cuja presença se restringe a uma ilha do Panamá.

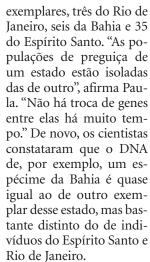
Os estudos foram feitos com o DNA mitocondrial dos animais. Usinas de energia, as mitocôndrias têm um genoma próprio, diverso do existente no núcleo das células. O DNA mitocondrial é transmitido exclusivamente da mãe para o filho, sem sofrer recombinação, e constitui uma ferramenta usada pela biologia molecular para contar a história evolutiva das espécies. Como as mutações nesse tipo de material genético de linhagem materna ocorrem num ritmo rápido e mais ou menos constante, modelos matemáticos foram criados para tentar estabelecer, de forma aproximada, quando duas espécies distintas, ou populações diferentes de uma mesma espécie, tiveram um ancestral comum. Num artigo de 2003 na revista científica Genetics and Molecular Biology, a partir da análise do genoma mitocondrial, pesquisadores da Universidade Federal do Pará (UFPA) e da Universidade Estadual do Maranhão (UEMA) estimaram que a preguiça-decoleira se separou da comum e da preguiça-de-bentinho (Bradypus tridactylus) há 7,7 milhões de anos. O DNA mitocondrial também pode ser empregado para medir o grau de variabilidade genética entre os membros de uma população e, mais recentemente, até como forma de ajudar os taxonomistas a identificar espécies.

Ponte de mão dupla - O material gené-Preguiça-comum: tico mostrou claramente a separação populações com molecular das populações de preguilinhagens genéticas ças de três dedos. Num artigo aceidistintas to para publicação na revista científica holandesa Genetica, Nadia e seus colegas do Laboratório de Biologia Evolutiva e Conservação de Vertebrados da USP compararam um segmento do DNA mitocondrial obtido a partir de amostras de sangue ou tecido de duas espécies encontradas na Mata Atlântica, a preguiça-de-coleira, exclusiva da floresta litorânea, e a preguiça-comum, o popular bicho-preguiça, cujo nome científico é Bradypus variegatus, também presente em outros ecossistemas, como a Amazônia. A amostra era composta de 19 exemplares da primeira espécie, oriundos de duas regiões distantes (sudeste da Bahia e Espírito Santo), de 47 da segundo espécie, provenientes de três áreas distintas (sudeste da Bahia, norte de Minas Gerais e São Paulo). Grosso modo, o resultado foi sempre o mesmo: tanto a preguiça-de-coleira como a comum apresentam linhagens genéticas distintas, específicas de cada estado. "Inferimos que existem dois grupos filogeográficos principais que representam uma divergência norte e sul", afirma João Stenghel Morgante, do IB/USP, coordenador do projeto. Na preguiçade-coleira, o grupo setentrional abarca os exemplares da Bahia e o meridional, os espécimes capixabas. Na preguiçacomum, a divergência norte engloba as amostras da Bahia e Minas e a sul, a do território paulista. "Em São Paulo, apenas um dos 20 exemplares de Bradypus variegatus tinha sequências de DNA diferentes dos demais. A dos outros eram iguais", diz Nadia.

Em outro estudo, ainda não publicado em revistas científicas, a equipe do IB/USP comparou a diversidade no DNA mitocondrial de preguiças-comuns de três áreas da Mata Atlântica e quatro da Amazônia. Mais uma vez os exemplares de cada região filiaram-se a grupos genéticos bem distintos. As Bradypus variegatus de uma zona geográfica em particular chamaram a atenção dos cientistas. "As diferenças no DNA mitocondrial das preguiças ao longo do norte do rio Tocantins, próximo a Santarém, no Pará, são muito grandes quando comparadas às preguiças-comuns das demais regiões", afirma Nadia. Essa população muito divergente geneticamente pode pertencer, na verdade, a uma outra espécie conhecida do animal, a popular preguiça-de-bentinho (Bradypus tridactylus), que ocorre somente numa porção da Região Norte. Ou até a uma espécie ainda desconhecida de preguiça. Também foram levantadas evidências genéticas de que o Nordeste funciona como uma ponte de mão dupla entre os grupos genéticos de preguiças-comuns da Mata Atlântica e da Amazônia, permitindo a passagem de indivíduos de uma zona para outra.

Os pesquisadores mineiros, num trabalho independente do realizado pelos colegas da USP, que em breve será submetido a uma revista internacional, chegaram a resultados semelhantes com populações apenas de preguiçade-coleira. Eles analisaram três trechos do DNA mitocondrial de uma grande amostra de *Bradypus torquatus*: 44





A baixa diversidade genética é uma situação preocupante, mas não che-

ga a ser uma total surpresa no caso da preguiça-de-coleira, cuja marca registrada é uma faixa de pêlos escuros em torno do pescoço. Afinal trata-se de um animal presumivelmente raro, talvez com poucos indivíduos vivos, embora ninguém saiba ao certo quantos, que vive praticamente camuflado na copa de árvores, a 20 ou 30 metros do solo, de uma região bastante delimitada da Mata Atlântica, entre o sul de Sergipe e o norte do Rio de Janeiro e de Minas Gerais. Talvez seja ainda mais chocante descobrir que a preguiça-comum, relativamente abundante e mais fácil de ser encontrada, enfrenta o mesmo gargalo genético. As populações de B. variegatus, com suas típicas manchas escuras em torno dos olhos que lembram óculos, estão presentes numa faixa de terra muito maior do que a ocupada pela seletiva *B. torquatus*. No continente, seu vasto hábitat se estende de Honduras, na América Central, até o norte



Em São Paulo, o DNA de todas as preguiças-comuns é quase igual

da Argentina. Em território nacional, a preguiça-comum pode ser achada de norte a sul, em quase todos os estados. Até parques urbanos de cidades possuem preguiças-comuns.

Seria simplista e alarmista demais comparar a pequena diversidade genética das preguiças comum e de-coleira a uma bomba-relógio programada pela biologia para - mais dia, menos dia eliminá-las da face da Terra. Pouca variabilidade nas sequências que compõem o DNA de uma espécie não quer dizer, necessariamente, poucos anos de vida. Às vezes, a baixa disparidade genética é uma evidência de que um grupo de animais passou ou está no meio de um processo evolutivo denominado gargalo populacional ou efeito fundador. Devido a alguma mudança ambiental, como o aquecimento excessivo do clima ou a redução de seu hábitat natural, ocorre uma drástica redução no número original de membros de uma popu-

lação. Nesse caso, perde-se uma parte da diversidade genética total da espécie. Se não houver, em pouco tempo, outra grande mudança ambiental, esses remanescentes, apesar de poucos e, às vezes, com reduzida diversidade genética, podem ter sucesso em restabelecer as populações da espécie. Num cenário otimista, o número de indivíduos dessa população volta aos poucos a crescer e possivelmente a sua variabilidade genética também. Esse é um final feliz para um bicho que, num dado momento de sua his-

tória, deparou com um gargalo populacional. "Não descartamos a hipótese de que o efeito fundador tenha ocorrido nas populações de preguiça-de-coleira de cada estado, mas precisamos de mais estudos para confirmar ou descartar essa idéia", explica Fabrício.

Uma questão de fundo que os estudos com a B. torquatus e com a B. variegatus ainda não conseguem responder com certeza é se a baixa variabilidade genética é produto apenas do modo de vida e hábitos das preguiças, com raízes históricas, ou se também derivam de pressões mais recentes.

A ação humana, ao cortar a vegetação nativa, em especial a Mata Atlântica, é maléfica para as preguiças. Esses animais, que costumam se locomover por uma área de 5 hectares, têm cada vez menos porções de floresta à sua disposição. O problema é que ainda não há marcadores moleculares capazes de medir o impacto recente da civilização

## **OS PROJETOS**

Variabilidade genética, padrões evolutivos, filogeografia e conservação de vertebrados neotropicais

## MODALIDADE

Linha Regular de Auxílio à Pesquisa

#### COORDENADOR

JOÃO STENGHEL MORGANTE - IB/USP

#### INVESTIMENTO

R\$ 552,504,74 (FAPESP)

Translocação como uma ferramenta para a conservação de prequiça-de-coleira, Bradypus torquatus.

#### COORDENADOR

ADRIANO CHIARELLO - PUC/MG

## INVESTIMENTO

US\$ 8.680,00 (National Geographic Society e Flora & Fauna International) Diversidade genética e filogeografia da preguiçade-coleira, Bradypus torquatus (Xenarthra, Bradypodidae)

# COORDENADORES

ADRIANO CHIARELLO – PUC-Minas FABRÍCIO R. DOS SANTOS – UFMG

### INVESTIMENTO

R\$ 17.000,00 (Fundo de Incentivo à Pesquisa da PUC-Minas)



Exemplar da Amazônia: zona de contato com animais do Nordeste

sobre os bichos. Recolher mais amostras de DNA de preguiças, de mais espécies e de locais variados, e estudar outros trechos do genoma desses bichos pode ajudar a esclarecer essa questão.

Também é indispensável aprofundar os estudos sobre os hábitos e as características físicas das cinco espécies de preguiça existentes no Brasil. Não há, por exemplo, nenhuma informação sobre o tamanho das populações desses bichos. A preguiça-de-coleira, que em sua fase adulta mede e pesa um pouco mais (de 60 a 80 centímetros e de 5 a 7 quilos) do que a preguiça-comum, só é considerada em extinção devido à exigüidade e à fragmentação de sua área de ocorrência na Mata Atlântica. "É muito difícil encontrar essa espécie", diz Paula Lara, que, persistente, conseguiu capturar quatro dezenas de B. torquatus. Até mesmo a noção de uma população de preguiça é algo difuso. Quantos indivíduos formam uma população desses bichos? Dez? Cem? Ninguém sabe ao certo.

A preguiça é um animal solitário, de atividade noturna e diurna, que dorme metade do dia. Desce da árvore basicamente para defecar e urinar, uma vez por semana em média. O macho anda sempre desacompanhado e a mãe carrega o filhote até os 6 ou 8 meses de idade. Depois solta-o no seu território. Felizmente, alguns trabalhos pioneiros, como o de Adriano Chiarello, da PUC/MG e orientador de Paula, que desde 1994 observa com o auxílio de radiotransmissores os movimentos de exemplares de preguiça-de-coleira numa reserva do Espírito Santo, produziram novas informações sobre a conservação desses mamíferos das árvores. "Um animal reabilitado e reintroduzido nas matas deve ser monitorado por, no mínimo, 12 meses depois de solto", diz o ecólogo. "Só depois desse tempo podemos afirmar que seu processo de adaptação ao novo local foi bem-sucedido."