
**PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS
(ZOOLOGIA)**

JOSÉ FERNANDO MOREIRA RAMÍREZ

**DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA ANTA
(*Tapirus terrestris*) NA SERRA DO MAR, SÃO PAULO, BRASIL**

Dissertação apresentada ao Instituto de Biociências do Câmpus de Rio Claro, Universidade Estadual Paulista, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciências Biológicas (Área de Concentração: Zoologia).

Junho - 2013

JOSÉ FERNANDO MOREIRA RAMÍREZ

DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA ANTA
(*Tapirus terrestris*) NA SERRA DO MAR, SÃO PAULO, BRASIL

Dissertação apresentada ao Instituto de Biociências do Câmpus de Rio Claro, Universidade Estadual Paulista, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciências Biológicas (Área de Concentração: Zoologia)

Orientador: Prof. Dr. Mauro Galetti
Co-orientadora: Profa. Dra. Alexandra Sanches

Rio Claro
2013

591.15 Ramirez, José Fernando Moreira
R173d Diversidade genética e estrutura populacional da anta
(Tapirus terrestris) na Serra do Mar, São Paulo, Brasil / José
Fernando Moreira Ramírez. - Rio Claro, 2013
56 f. : il., figs., gráfs., tabs., fots., mapas

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Instituto de Biociências de Rio Claro
Orientador: Mauro Galetti Rodrigues
Coorientadora: Alexandra Sanches

1. Genética animal. 2. Conservação. 3. Genética de
populações. 4. Tapirus terrestris. I. Título.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: DIVERSIDADE GENÉTICA E ESTRUTURA POPULACIONAL DA ANTA (TAPIRUS TERRESTRIS) NA SERRA DO MAR, SÃO PAULO, BRASIL

AUTOR: JOSE FERNANDO MOREIRA RAMIREZ

ORIENTADOR: Prof. Dr. MAURO GALETTI RODRIGUES

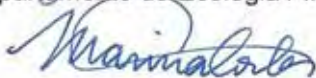
CO-ORIENTADORA: Profa. Dra. ALEXANDRA SANCHES

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS (ZOOLOGIA), pela Comissão Examinadora:



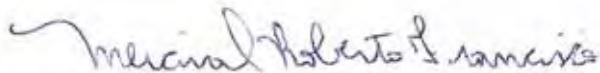
Prof. Dr. MAURO GALETTI RODRIGUES

Departamento de Ecologia / Instituto de Biociências de Rio Claro/UNESP



Profa. Dra. MARINA CORREA CORTES

Doutora em Ecologia



Prof. Dr. MERCIVAL ROBERTO FRANCISCO

Universidade Federal de São Carlos/Campus-Sorocaba

Data da realização: 21 de junho de 2013.

DEDICATÓRIA

Dedico esta dissertação à minha família, em especial à minha mãe Nirma, por todo o apoio dedicado, principalmente neste tempo que estive estudando no Brasil.

À Mata Atlântica por sua beleza, magnificência e biodiversidade!

"Somos hijos del amor, por lo tanto nacemos para la felicidad (fuera de la felicidad son todos pretextos), y debemos ser felices "

Facundo Cabral

AGRADECIMENTOS

À minha família por estar sempre a meu lado e por todo o apoio dedicado durante este tempo que estive no Brasil.

Agradeço ao Mauro por incluir-me no seu laboratório e por toda a ajuda como orientador e amigo. Também agradeço à Lele por permitir trabalhar junto com ela no seu projeto de pós-doutorado. Aprendi muitas coisas interessantes sobre genética neste tempo de mestrado.

Quero expressar minha gratidão à Fundação Ford, International Fellowship Program pelo apoio econômico concedido para desenvolver o meu mestrado no Brasil. Quero expressar minha gratidão à FAPESP (Programa Biota 2007/03392-6) pelo financiamento concedido.

Agradeço aos membros do CIRMA, em especial à Aracely Teleguario, Anabella Acevedo e Susana López por sua amizade e por estarem sempre atentas aos trâmites da minha bolsa, muito obrigado!

Gostaria de agradecer ao Darren e ao Sergio por toda ajuda no campo. Aprendemos muito sobre a Mata Atlântica e percorremos longas distâncias para obter nossos dados de pesquisa.

Gostaria de agradecer aos funcionários do Parque Estadual Intervales e do Núcleo Caraguatatuba, em especial aos gestores Carlos Zacchi e Paulo Leitão Camarero. Também agradeço ao André, Seu Santos, e todos os funcionários de Caraguatatuba por me ajudar na coleta de dados, sua ajuda foi muito importante para a realização desta dissertação.

Agradeço muito a todos meus amigos e amigas do Labic, Labemim e do Leec, aprendi muitas coisas com todos vocês. O trabalho de pesquisa que se faz nestes laboratórios é muito interessante e importante para a conservação da biodiversidade.

Agradeço às pessoas da Seção de Pós-Graduação pelas orientações dedicadas, sua ajuda foi muito importante.

Agradeço a todos meus amigos da UNESP pela ajuda, ao Mateus Clemente, Valesca Zipparro e à Adriana Santos por revisar esta dissertação, à Carolina Carvalho e à Irene Mendoza pela ajuda nas análises. Ao Bruno Borges pela ajuda em fazer as mapas, todas suas sugestões foram muito importantes.

A todas as pessoas queridas que conheci no Brasil e na Argentina, muito obrigado!

RESUMO

A implementação de corredores tem sido sugerida para atenuar os efeitos negativos da fragmentação de habitat, por restaurar ou manter a conectividade entre as populações. No entanto, o papel dos corredores para grandes mamíferos raramente tem sido avaliada objetivamente. Nesta pesquisa usei uma amostragem não-invasiva (análises genéticas de fezes), análise de microssatélites e o método Bayesiano para avaliar a eficácia da Serra do Mar como corredor para grandes mamíferos na Mata Atlântica. As localidades amostradas dentro da Serra do Mar foram o Parque Estadual Intervales e o Núcleo Caraguatatuba, as quais estão separadas por aproximadamente 300 km de distância em linha reta. A anta (*Tapirus terrestris*, Linnaeus 1758) é um dos maiores membros sobreviventes da megafauna neotropical, tendo sua distribuição em regiões de terras baixas do norte e do centro da América do Sul nos países da Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador, Guiana Francesa, Guiana, Paraguai, Peru, Suriname e Venezuela. É considerada o maior mamífero terrestre nativo do Brasil, sendo bastante caçada como fonte de proteína. Esta espécie é um ótimo modelo para testar a efetividade da Serra do Mar como corredor para grandes mamíferos porque está presente em todo esse contínuo, pode ter grandes deslocamentos e tem a capacidade de atravessar a matriz em paisagens fragmentadas. No Parque Estadual Intervales foram coletadas 55 amostras fecais em um gradiente altitudinal entre 302 até 976 metros, em um esforço percorrido de 258,9 km. No Núcleo Caraguatatuba foram coletadas 76 amostras fecais em um gradiente altitudinal entre 530 até 865 metros, em um esforço percorrido de 351,6 km. Para o Parque Estadual Intervales e Núcleo Caraguatatuba foram identificados 16 e 23 indivíduos, com sucesso de amplificação de 31 e 33% respectivamente. Para a localidade do Parque Estadual Intervales estimamos uma densidade populacional entre 0,20-0,57 indivíduos por km². Para o Núcleo Caraguatatuba estimamos uma densidade populacional entre 0,13-0,21 indivíduos por km². A diversidade genética estimada para as duas localidades de estudo foi baixa quando comparada com dados de um estudo com amostras de outras localidades do corredor da Serra do Mar, o Parque Estadual Carlos Botelho e Núcleo Santa Virgínia. Ahamos níveis baixos do valor de F_{ST} (0,006) e a análise Bayesiana não indicou uma clara estruturação entre as localidades. Altos valores de endogamia mostram possíveis endocruzamentos entre indivíduos nas duas localidades estudadas. Os nossos resultados indicam que o corredor da Serra do Mar no estado de São Paulo é funcional e apresenta um canal para o fluxo de genes entre estas populações. No entanto, o desenvolvimento humano, pode dificultar a utilização do corredor da Serra do Mar

por as antas. O método não invasivo de amostragem e as análises genéticas usadas podem ajudar a avaliar a eficácia dos corredores, com a identificação das ligações necessárias para manter a viabilidade populacional de espécies em perigo como as antas.

Palabras-chave: Amostragem não invasiva. Corredores. Microsatélites. Serra do Mar. *Tapirus terrestris*.

ABSTRACT

The implementation of corridors has been suggested as a means of mitigating the negative effects of fragmentation by restoring or maintaining connectivity between populations. However, the role of corridors in facilitating the movement of large mammals has rarely been evaluated objectively. In this study, we used non-invasive techniques (genetic analysis of feces), microsatellite analysis and the Bayesian method to evaluate the effectiveness of the Serra do Mar as a corridor for large mammals in the Atlantic Forest. Two locations were sampled in the Serra do Mar - Intervalles State Park and the Caraguatatuba Nucleus - and were separated by a distance of 300 km. The lowland tapir (*Tapirus terrestris*, Linnaeus 1758) is one of the largest surviving members of neotropical megafauna. The tapir is found in northern and central lowland regions of South America, encompassing Argentina, Bolivia, Brazil, Colombia, Ecuador, French Guiana, Guyana, Paraguay, Peru, Suriname and Venezuela. This species, the largest mammal native of Brazil, is an ideal model to test the effectiveness of the Serra do Mar as a corridor for large mammals because it has a large displacements, has the ability to cross the matrix in fragmented landscapes and is hunted for its meat. At Intervalles State Park, 55 fecal samples were collected along an altitudinal gradient of 302 to 976 meters, while 76 fecal samples were collected along an altitudinal gradient of 530 to 865 meters at the Caraguatatuba Core (Serra do Mar State Park). The sampling effort consisted of 258.9 km and 351.6 km traversed at Intervalles State Park and Caraguatatuba, respectively. Similarly, 16 and 23 individuals were identified with an amplification success of 31% and 33%, respectively. We estimated the population density at Intervalles State Park between 0,20-0,57 individuals per km². For Caraguatatuba we estimated the population density between 0,13-0,21 individuals per km². The genetic diversity estimated for both locations was low when compared with genetic data from Carlos Botelho State Park and Santa Virgínia Core (Serra do Mar State Park). We found a low F_{ST} value (0.006), and the Bayesian analysis did not indicate a clear structure between localities of Intervalles and Caraguatatuba. Large inbreeding coefficients demonstrate possible mating among related individuals in the two study sites. Our results indicate that the Serra do Mar corridor is functional and provides a conduit for gene flow between these populations. However, human development may hinder the use of the Serra do Mar corridor by tapirs. The noninvasive sampling and genetic methods used in this study provide a means of evaluating corridor effectiveness that can help identifying linkages necessary for maintaining population viability of endangered species such as the tapirs.

Key words: Non-invasive techniques. Corridors. Microsatellites. Serra do Mar. *Tapirus terrestris*.

SUMÁRIO

	Página
INTRODUÇÃO	12
A Mata Atlântica	13
A anta (<i>Tapirus terrestris</i>) como modelo na Serra do Mar, São Paulo, Brasil	15
Objetivo	19
Objetivos específicos	19
Referências	20
CAPÍTULO I: Efetividade da Serra do Mar como corredor para um grande mamífero na Mata Atlântica	26
Resumo	27
Introdução	28
Material e Métodos	30
Área de estudo	30
Espécie de estudo	30
Dados populacionais: Genética	32
Análises dos dados	33
Resultados	34
Número de indivíduos identificados	34
Densidade estimada	35
Probabilidade de identidade total	37
Nível de variabilidade genética	37
Estrutura populacional	39
Discussão	41
Agradecimentos	46
Referências	46
Apêndice	55

INTRODUÇÃO

A rápida perturbação das florestas tropicais põe em risco a biodiversidade global mais do que qualquer outro fenômeno contemporâneo (Pimm & Raven 2000). Atividades de uso da terra pelos humanos transformaram o planeta (Foley *et al.* 2005), resultando em inesperadas conseqüências para o meio ambiente natural (DeFries *et al.* 2004). A alteração no uso da terra é agora considerada a principal força motriz de perda de biodiversidade em todo o mundo (Vitousek *et al.* 1997), especialmente em ecossistemas tropicais (Sala *et al.* 2000).

As áreas naturais protegidas tem demonstrado ser uma estratégia eficaz para a preservação da biodiversidade e também para limitar os desmatamentos (Bruner *et al.* 2001). Como o desmatamento avança rapidamente, as áreas protegidas tem se tornado cada vez mais os refúgios finais para espécies ameaçadas e para os processos naturais dos ecossistemas (Bruner *et al.* 2001). No entanto, muitas dessas áreas protegidas nos trópicos são vulneráveis à invasão humana e outros estresses ambientais e as áreas de florestas adjacentes estão sendo rapidamente eliminadas ou fragmentadas (DeFries *et al.* 2005). Reverter os efeitos da fragmentação do habitat é uma prioridade de conservação para a vida silvestre (Soulé & Orians 2001). Ligações da paisagem ou a implementação de corredores têm sido sugeridos para conectar populações disjuntas e mitigar os efeitos negativos da fragmentação do habitat (Noss 1983; Noss & Harris 1986; Chetkiewics *et al.* 2006). Corredores podem aumentar o movimento de organismos entre fragmentos de habitat (Hass 1995; Haddad 1999; Haddad *et al.* 2003), aumentar o potencial de recolonização (Hale *et al.* 2001), fornecer habitat adicional (Perault & Lomolino 2000) e facilitar as interações entre plantas e animais (Tewksbury *et al.* 2002). Os corredores também podem aumentar a sobrevivência dos indivíduos (Coffman *et al.* 2001), o fluxo gênico (Dixon *et al.* 2006) e a viabilidade populacional (Fahrig & Merriam 1985; Beier 1993).

A criação de corredores de biodiversidade tem recebido muita atenção global durante as duas últimas décadas. É um tema polêmico já que o aumento da taxa de imigração para a área de conservação é uma das principais desvantagens dos corredores de biodiversidade, pois pode facilitar a propagação de doenças epidêmicas, espécies exóticas, ervas daninhas e outras espécies indesejáveis nas áreas de conservação e em toda a paisagem; diminuir o nível de variação genética entre populações ou perturbar adaptações locais; facilitar a propagação do fogo e outros distúrbios abióticos e; aumentar a exposição da vida selvagem a caçadores e outros predadores (Noss 1987). Embora a utilidade dos corredores tem sido debatida

(Simberloff & Abele 1976; Simberloff & Cox 1987; Simberloff *et al.* 1992; Rosenberg *et al.* 1997), uma série de estudos tem apoiado a proposta de que, em geral, os corredores são benéficos para a conservação da fauna e/ou da vegetação. Estes incluem estudos de pequenos mamíferos e sapos na Amazônia (de Lima & Gascon 1999), marsupiais arbóreos em Queensland na Austrália (Laurance & Laurance 1999), borboletas na América do Norte (Haddad & Baum 1999), e besouros carabídeos na Escócia (Petit & Usher 1998).

A Mata Atlântica

A Mata Atlântica é uma das maiores florestas tropicais das Américas. Cobria uma área de aproximadamente 1.400.000 km² apenas no Brasil estendendo-se por uma faixa latitudinal ao longo da costa brasileira, do Rio Grande do Norte ao Rio Grande do Sul (Rizzini 1997). Foi pouco depois que os europeus descobriram o Brasil, em 1500, que o desmatamento começou, com a exploração em larga escala do pau-brasil (*Caesalpinia echinata*) que foi abundante nas florestas costeiras do Rio de Janeiro até, presumivelmente, o Ceará (Coimbra-Filho e Câmara, 1996). No século XVIII as plantações de cana-de-açúcar nas áreas próximas ao litoral, juntamente com a atividade mineradora, destruíram ainda mais vastas extensões de florestas (Galindo-Leal & Câmara 2005). No século XIX, a extração da floresta pra plantar cafezais foi a principal causa, mas não a única, do desmatamento (Dean 1996). A população humana da região sudeste da Mata Atlântica multiplicou-se no século XIX, totalizando cerca de um milhão de pessoas em 1808, e 6,4 milhões em 1890 (Dean 1996).

A história evolutiva da Mata Atlântica é marcada por períodos de contato com biotas de outras florestas sul-americanas, seguidos por períodos de isolamento (Prum 1988). Em razão disso, o Bioma da Mata Atlântica é composto não apenas por elementos muito antigos, que se diferenciaram há pelo menos 3 milhões de anos, durante o Plioceno, mas também por elementos que colonizaram a região mais recentemente, durante a transição Pleistoceno-Holoceno, há cerca de 10 mil a 20 mil anos (Prum 1988; Hackett & Lehn 1997). O Bioma da Mata Atlântica é extremadamente diversificado, abrigando de 1 a 8% da biodiversidade mundial (Cardoso & Casteleti 2005). Estima-se que mais de 20.000 espécies de plantas, 261 espécies de mamíferos, 620 espécies de aves, 200 de répteis e 280 de anfíbios ocorram nesse bioma (Mittermeier *et al.* 1999; Myers *et al.* 2000; Cardoso & Casteleti, 2003). Devido a esses fatores a Mata Atlântica é considerada um dos 25 *hotspots* de biodiversidade reconhecidos no mundo (Mittermeier *et al.* 1999; Myers *et al.* 2000). Atualmente, a Mata Atlântica está reduzida a cerca de 12% (15.719 km²) de sua extensão original, espalhados em

vários fragmentos (80% dos fragmentos são menores do que 50 ha) com poucas matas contínuas (Ribeiro *et al.* 2009). A Mata Atlântica está distribuída em 245.173 fragmentos florestais. O maior fragmento está localizado na região da Serra do Mar, principalmente ao longo das montanhas costeiras do Estado de São Paulo (Galindo-Leal & Câmara 2005; Ribeiro *et al.* 2009). A região da Serra do Mar contém 1.109.546 ha de floresta contínua, o que representa 7% do restante de Mata Atlântica (Ribeiro *et al.* 2009). Além disso, só o contínuo da Serra do Mar mostrou ter apenas 25% da floresta remanescente localizada a menos de 100 m de qualquer borda e mais de 50% da floresta está mantida em áreas maiores de 50.000 ha (Ribeiro *et al.* 2009). Por estas características a região da Serra do Mar foi designada como corredor de biodiversidade no *hotspot* Mata Atlântica (Pires *et al.* 2005) (Figura 1-1).

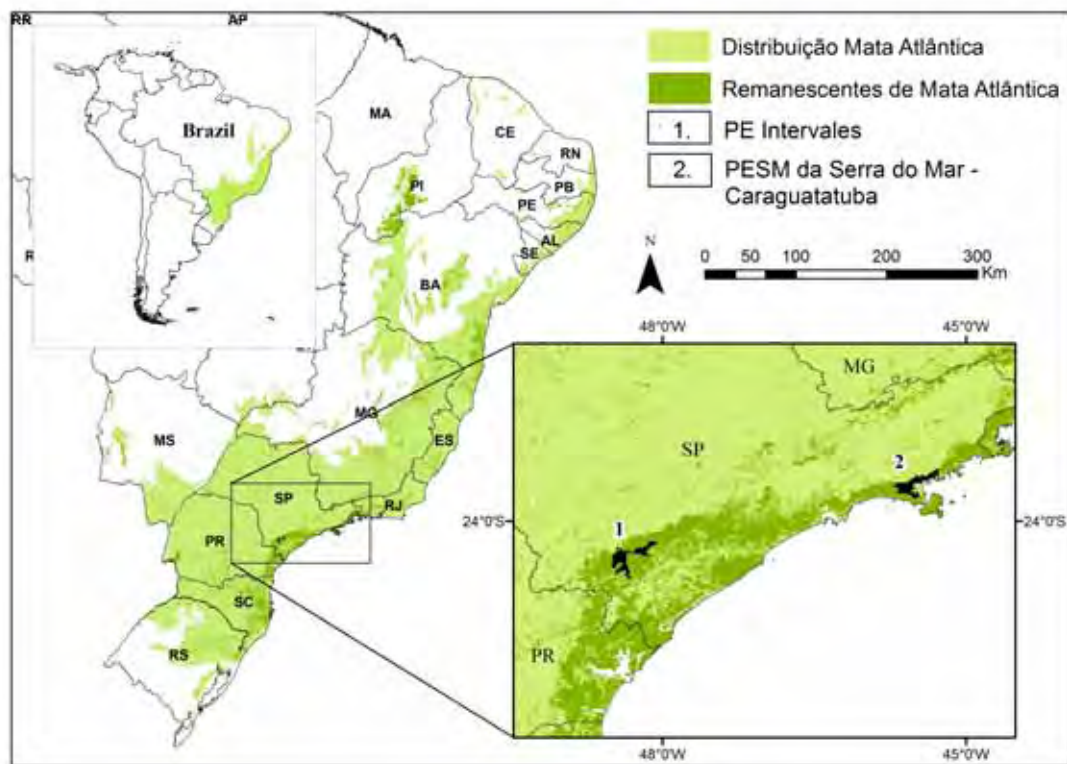


Figura 1-1. Corredor de biodiversidade da Serra do Mar com a localização das duas áreas de estudo em preto. Da esquerda para a direita: Parque Estadual Intervales (1) e Núcleo Caraguatatuba (2).

Tradicionalmente, os corredores têm sido vistos como faixas lineares de habitat que facilitam a circulação de organismos através de paisagens (Puth & Wilson 2001). Corredores, muitas vezes em associação com a megafauna carismática, espécies-chave e guarda-chuva,

podem ser um componente fundamental em planos de conservação (Chetkiewicz *et al.* 2006; Rabinowitz & Zeller 2010; Zeller *et al.* 2011). O objetivo dos corredores é combater os efeitos da perda de habitat e fragmentação, que são importantes causas de perda de biodiversidade (Dirzo & Raven 2003; Rabinowitz & Zeller 2010). Análises genéticas podem proporcionar informações importantes sobre a estrutura populacional e fluxo gênico de espécies-chave para a conservação (Paetkau *et al.* 1995; Waits 1999; Pritchard *et al.* 2000; Cegelski *et al.* 2003; Proctor *et al.* 2005; Waits & Paetkau 2005). Testar a eficácia dos corredores regionais é um desafio porque a dispersão de longa distância é rara, e não há nenhuma garantia de que animais marcados com rádio-colares serão indivíduos dispersores (Koenig *et al.* 1996).

A anta (*Tapirus terrestris*) como modelo na Serra do Mar, São Paulo, Brasil

A anta (*Tapirus terrestris*, Linnaeus 1758; Fig. 1-2) é um dos maiores membros sobreviventes da megafauna neotropical (Emmons & Feer 1990; Galetti & Hansen 2009; de Thoisy *et al.* 2010), tendo sua distribuição em regiões de terras baixas do norte e do centro da América do Sul nos países da Argentina, Bolívia, Brasil, Colômbia, Equador, Guiana Francesa, Guiana, Paraguai, Peru, Suriname e Venezuela (Naveda *et al.* 2008). No Brasil, esta espécie foi extirpada da Caatinga (Naveda *et al.* 2008, Fig. 1-3) e ainda é muito caçada como fonte de proteína (Cullen *et al.* 2000; Naveda *et al.* 2008). Estudos têm mostrado que a anta seleciona seu habitat de acordo com dois fatores principais: disponibilidade de alimento e recursos hídricos (Salas & Fuller 1996; Foerster & Vaughan 2002; Naranjo 2009). Médici (2010) reporta que as florestas ripárias e florestas maduras e altas são o tipo de habitat mais representativo dentro das áreas de vida das antas na Mata Atlântica. A anta tem áreas de vida que variam entre 1,1 a 14,2 km² (Médici 2011), complexas estruturalmente, com múltiplas áreas cerne de uso (Tobler 2008), as quais são estabelecidas de acordo com a distribuição de manchas de habitats preferidos (Tobler 2008; Medici 2010). As antas possuem baixa taxa de fecundidade, sendo reprodutivamente ativas com cerca de dois anos de idade (Eisenberg 1997), com um só filhote após uma longa gestação que varia entre 13-14 meses (Barongi 1993). As antas tem uma extensão longa entre gerações estimada entre 11 a 15 anos (Medici 2010). Devido a estas características, as antas tem baixas abundâncias e são muito suscetíveis à perda e fragmentação de hábitat, caça, atropelamentos e enfermidades transmitidas por animais domésticos (Naveda *et al.* 2008).

A densidade populacional das antas geralmente é baixa, as estimativas de densidade variam desde 1,6 indivíduos por km² em áreas não perturbadas (Robinson & Redford 1986, 1991) a menos de 0,3 indivíduos por km² em diferentes habitats e regiões (Cullen *et al.* 2000; Trolle *et al.* 2008). Com base na combinação destes fatores descritos no texto acima, a anta é considerada como espécie “guarda chuva”, pois necessita de uma área de vida muito extensa. Uma espécie guarda-chuva é definida como uma espécie cuja conservação está prevista para conferir proteção a um grande número de espécies que ocorrem naturalmente na mesma comunidade (Roberge & Angelstam 2004). Este conceito tem sido proposto como uma ferramenta para determinar o tamanho mínimo para as áreas de conservação, a seleção de locais para serem incluídos em redes de reservas, e estabelecer padrões mínimos para a composição, estrutura e processos dos ecossistemas (Roberge & Angelstam 2004). Estas espécies podem ser usadas como espécies indicadoras no planejamento e monitoramento da conservação, sob a perspectiva de que, se formos capazes de preservar populações viáveis destas espécies, iremos preservar habitat suficiente para inúmeras outras espécies com necessidades de área menor (Noss *et al.* 1990; Caro 2003).

Além disso, a anta é considerada como “espécie paisagem” (Sanderson *et al.* 2002; Copolillo *et al.* 2004) por ter grandes deslocamentos (Noss *et al.* 2003; Tobler 2008) com capacidade de atravessar a matriz em paisagens fragmentadas (Medici 2010). A anta ocupa áreas de vida que se estendem inclusive fora dos limites das áreas protegidas, necessitando de diferentes tipos de ecossistemas e gerando um impacto significativo na estrutura e produtividade dos ecossistemas naturais (Sanderson *et al.* 2002; Copolillo *et al.* 2004). Em conjunto com outros ungulados como as queixadas (*Tayassu pecari*), as antas geram um impacto na estrutura e diversidade da comunidade de plantas, alterando as interações-competições entre plantas (Fragoso & Huffman 2000; Grellman 2002) e consequentemente mantendo a heterogeneidade dos habitats (Olofsson *et al.* 2002).

As antas também são importantes dispersores de sementes nas florestas tropicais. Na Mata Atlântica, a anta desempenha um papel complementar com o muriqui (*Brachyteles arachnoides*) na dispersão efetiva de sementes (Bueno *et al.* 2013). A anta tem a habilidade de dispersar sementes grandes a longas distâncias em áreas que não são usadas por primatas (Bueno *et al.* 2013). Além disso, o comportamento das antas de defecar em latrinas pode reduzir a predação de sementes por besouros e roedores (Quiroga-Castro & Roldan 2001). Fragoso (1997) postulou que a anta, o maior frugívoro do Neotrópico, é o único que ingere grandes quantidades de sementes muito maiores que são defecadas repetidamente em determinados locais, desempenhando um papel crítico na estruturação das florestas tropicais.

Por estas razões descritas anteriormente, a anta é uma ótima espécie para ser usada como modelo para testar a efetividade da Serra do Mar como corredor para grandes mamíferos na Mata Atlântica. Usando métodos não invasivos, nesta dissertação se apresentam os resultados obtidos das análises genéticas de fezes de anta para responder à pergunta: o corredor da Serra do Mar mantém funcionalmente conectadas as populações de anta?



Figura 1-2. Anta (*Tapirus terrestris*). Fotografia ©Projeto Onçafari.

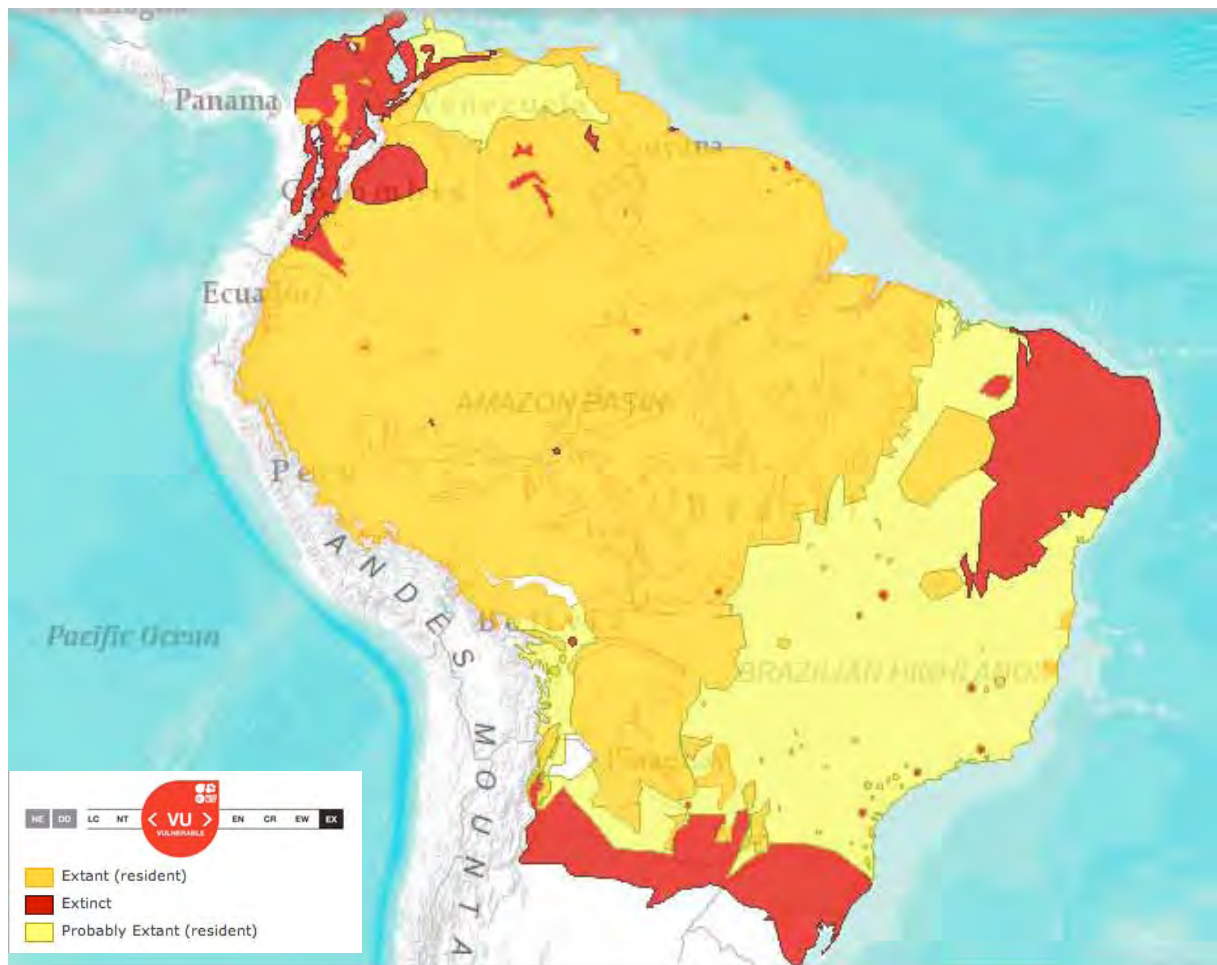


Figura 1-3. Distribuição histórica e atual da anta (*Tapirus terrestris*). Mapa obtido da IUCN (Naveda *et al.* 2008).

Os resultados da dissertação estão estruturados em um capítulo desenvolvido ao longo do mestrado. Este capítulo está apresentado em forma de artigo científico baseado nas normas editoriais da revista Biotrópica. O capítulo apresenta informações sobre a eficácia da Serra do Mar como corredor para grandes mamíferos na Mata Atlântica. Além disso, o capítulo apresenta informações sobre a diversidade genética e a estrutura populacional da anta no Parque Estadual Intervales e no Núcleo Caraguatatuba, Serra do Mar.

Objetivo

O objetivo geral desta dissertação é testar a efetividade da Serra do Mar como corredor para a anta na Mata Atlântica por meio de um método de análise genética de amostras não-invasivas (fezes).

Objetivos específicos

- Estimar a densidade mínima populacional da anta no Parque Estadual Intervales e no Núcleo Caraguatatuba (PE Serra do Mar).
- Estimar o nível de variabilidade genética no Parque Estadual Intervales e no Núcleo Caraguatatuba.
- Estimar a estrutura populacional da anta nessas áreas situadas no interior do corredor da Serra do Mar, São Paulo, Brasil.

Referências

- BARONGI, A. 1993. Husbandry and conservation of tapirs. *International zoo Yearbok*, 32:7-15.
- BEIER, P. 1993. Determining minimum habitat areas and habitat corridors for cougars. *Conservation Biology*, 7:94–108.
- BUENO, R.S., R. GUEVARA, M.C. RIBEIRO, L. CULOT, F.S. BUFALO & M. GALETTI. 2013. Functional Redundancy and Complementarities of Seed Dispersal by the Last Neotropical Megafrugivores. *PLoS ONE*, 8 (2): e56252.
- BRUNER, A., R. GULLISON, R. RICE & G. DA FONSECA. 2001. Effectiveness of parks in protecting tropical biodiversity. *Science*, 291:125–128.
- CARDOSO, J. & C. CATELETI. 2005. Estado da biodiversidade da Mata Atlântica brasileira, 43-49. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de Ciências Aplicadas à Biodiversidade.
- CARO, T.M. 2003. Umbrella species: critique and lessons from East Africa. *Animal Conservation*, 6:171-181.
- CEGELSKI, C., L. WAITS & N. ANDERSON. 2003. Assessing population structure and gene flow in Montana wolverines (*Gulo gulo*) using assignment-based approaches. *Molecular Ecology*, 12:2907–2918
- CHETKIEWICZ, C., C. CASSADY & M. BOYCE. 2006. Corridors for Conservation: Integrating Pattern and Process. *The Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 37:317–342.
- COFFMAN, C. J., J. D. NICHOLS & K. H. POLLOCK. 2001. Population dynamics of *Microtus pennsylvanicus* in corridor-linked patches. *Oikos*, 93:3–21.
- COIMBRA-FILHO, A.F. & I.G. CÂMARA. 1996. Os limites originais do bioma Mata Atlântica região nordeste do Brasil. Rio de Janeiro. Fundação brasileira para a Conservação da Natureza.
- CULLEN, L., R.E. BODMER & C.B. VALLADARES-PADUA. 2000. Effects of hunting in habitat fragments of the Atlantic Forests, Brazil. *Biological Conservation*, 95: 49-56.
- DE LIMA, M.G. & C. GASCON. 1999. The conservation value of linear forest remnants in central Amazonia. *Biological Conservation*, 91:241–247.
- DE THOISY, B., A. GONÇALVES DA SILVA, M. RUIZ-GARCÍA, A. TAPIA, O. RAMIREZ, M. ARANA, V. QUSE, C. PAZ-Y-MIÑO, M. TOBLER, C. PEDRAZA & A. LAVERGNE. 2010. Population history, phylogeography, and conservation genetics of the last Neotropical

- mega-herbivore, the lowland tapir (*Tapirus terrestris*). BMC Evolutionary Biology, 10:278
- DEAN, W. 1996. A ferro e fogo: A historia e a devastação da Mata Atlântica brasileira. Companhia das Letras. 484 p.
- DEFRIES, R.S., J.A. FOLEY & G.P. ASNER. 2004. Land-use choices: balancing human needs and ecosystem function. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2:249–257.
- DEFRIES, R, A. HANSEN, A.C. NEWTON & M.C. HANSEN. 2005. Increasing isolation of protected areas in tropical forests over the past twenty years. *Ecological Application*, 15:19–26.
- DIRZO, R. & P.H. RAVEN. 2003. Global state of biodiversity and loss. *Annual Review of Environment and Resources*, 28:137–167.
- DIXON, J.M., OLI, M. WOOTEN, T. EATON, J. McCOWN & D. PAETKAU. 2006. Effectiveness of a Regional Corridor in Connecting Two Florida Black Bear Populations. *Conservation Biology*, 20 (1):155–162.
- EISENBERG, J. 1997. Introduction. Em: D. Brooks, R. Bodmer & S. Matola (Ed). *Tapirs: Status Survey and Conservation Action Plan*. 5-7- IUCN/SSC Tapir Specialist Group (TSG). IUCN, Gland, Switzerland.
- EMMONS, L.S. & E. FEER. 1990. Neotropical rainforest mammals, a field guide. University of Chicago Press, Chicago, Illinois. 281p.
- FAHRIG, L. & G. MERRIAM. 1985. Habitat patch connectivity and population survival. *Ecology*, 66:1762–1768.
- FOERSTER, C.R. & C. VAUGHAN. 2002. Home range, habitat use and activity of Baird's tapir in Costa Rica. *Biotropica*, 34:423–37.
- FRAGOSO, J.M.V. 1997. Tapir-generated seed shadows: scale-dependent patchiness in the Amazonrain forest. *Journal of Ecology*, 85:519–529.
- FRAGOSO, J.M.V. & J.M. HUFFMAN. 2000. Seed-dispersal and seedling recruitment patterns by the last Neotropical megafaunal element in Amazonia, the tapir. *Journal of Tropical Ecology*, 16:369–385.
- FOLEY, J.A., R. DEFRIES, G.P. ASNER, C. BARFORD, G. BONAN, S.R. CARPENTER, F.S. CHAPIN, M.T. COE, G.C. DAILY, H.K. GIBBS, J.H. HELKOWSKI, T. HOLLOWAY, E.A. HOWARD, C.J. KUCHARIK, C. MONFREDA, J.A. PATZ, I.C. PRENTICE, N. RAMANKUTTY & P.K. SNYDER. 2005. Global consequences of land use. *Science*, 309:570–574
- GALINDO-LEAL, C. & I. CÂMARA. 2005. Status do hotspot Mata Atlântica: uma síntese, 3-23. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de Ciências Aplicadas à Biodiversidade.

- GRELLMAN, D. 2002. Plant responses to fertilization and exclusion of grazers on an arctic tundra heath. *Oikos*, 98(2):190-204.
- HACKETT, S.J. & C.A. LEHN. 1997. Lack of genetic divergence in a genus (*Pteroglossus*) of neotropical birds. The connection between life-history characteristics and levels of divergence. *Ornithological Monographs*, 48:267-279.
- HADDAD, N. M. 1999. Corridor use predicted from behaviors at habitat boundaries. *The American Naturalist*, 153:215–227.
- HADDAD, N.M. & K.A. BAUM. 1999. An experimental test of corridor effects on butterfly densities. *Ecological Applications* 9: 623–633.
- HADDAD, N.M., D.R. BOWNE, A. CUNNINGHAM, B.J. DANIELSON, D.J. LEVEY, S. SARGENT, & T. SPIRA. 2003. Corridor use by diverse taxa. *Ecology*, 84 (3):609-615.
- HALE, M. L., P. W. W. LURZ, M. D. F. SHIRLEY, S. RUSHTON, R. M. FULLER & K. WOLFF. 2001. Impact of landscape management on the genetic structure of red squirrel populations. *Science*, 293:2246–2248.
- HANSEN D.M. & GALETTI M. 2009. The forgotten megafauna. *Science*, 324:42–43.
- HASS, C. A. 1995. Dispersal and use of corridors by birds in wooded patches on an agricultural landscape. *Conservation Biology*, 9:845– 854.
- KADMON, R. & O. ALLOUCHE. 2007. Integrating the effects of area, isolation, and habitat heterogeneity on species diversity: A unification of island biogeography and niche theory. *American Naturalist*, 170:443-454.
- KOENIG, W. D., D. VAN VUREN & P. H. HOOGE. 1996. Detectability, philopatry, and the distribution of dispersal distances in vertebrates. *Trends in Ecology & Evolution*, 11:514–517.
- LAURANCE, S.G. & W.F. LAURANCE. 1999. Tropical wildlife corridors: use of linear rainforest remnants by arboreal mammals. *Biological Conservation*, 91: 231–239.
- LEVEY J., B. BOLKER, J. TEWKSBURY, S. SARGENT & N. HADDA. 2005. Effects of landscape corridors on seed dispersal by birds. *Science*, 309:146–48.
- MECH S. & J. HALLETT. 2001. Evaluating the effectiveness of corridors: a genetic approach. *Conservation Biology*, 15:467–74.
- MEDICI, E. 2010. Assessing the viability of lowland tapir populations in a fragmented landscape. Tese de Doutorado. Universidade de Kent. Inglaterra. 276 p.
- MITTERMEIER, R.A. MYERS, N. ROBLES GIL & P. MITTERMEIER, C.C. 1999. Hotspots. Mexico City: Agrupación Sierra Madre, CEMEX.
- MYERS, N., R.A. MITTERMEIER, C.G. MITTERMEIER, G.A. DA FONSECA & J. KENT. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature*, 403:853-858.

- NARANJO, E.J. 2009. Ecology and conservation of Baird's tapir in Mexico. *Tropical Conservation Science* 2, 140–58.
- NAVEDA, A., B. DE THOISY, C. RICHARD-HANSEN, D. TORRES, L. SALAS, R. WALLACE, S. CHALUKIAN & S. DE BUSTOS. 2008. *Tapirus terrestris*. In: IUCN 2010. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2010.4. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 10 March 2011.
- NOSS R.F. 1983. A regional landscape approach to maintain diversity. *BioScience*, 33: 700–706.
- NOSS, R.F. 1987. Corridors in real landscapes: A reply to Simberloff and Cox. *Conservation Biology*, 1:159-164.
- NOSS, R.F. 1990. Indicators for Monitoring Biodiversity: A hierarchical approach. *Conservation Biology*, 4 (4):355-364.
- NOSS, R. F. & L. D. HARRIS. 1986. Nodes, networks, and mums preserving diversity at all scales. *Environmental Management*, 10:299–309.
- OLOFSSON, J., J. MOEN & L. OKSANEN. 2002. Effects of herbivory on competition intensity in two arctic-alpine tundra communities with different productivity. *Oikos*, 96:265-272.
- PAETKAU, D., W. CALVERT, I. STIRLING & C. STROBECK. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4:347–354.
- PERAULT, D. R., & M. R. LOMOLINO. 2000. Corridors and mammal community structure across a fragmented, old-growth forest landscape. *Ecological Monographs*, 70:401–422.
- PETIT, S. & M.B. USHER. 1998. Biodiversity in agricultural landscapes: the ground beetle communities of woody uncultivated habitats. *Biodiversity and Conservation*, 7:1549–1561.
- PIMM, S.L. & P.R. RAVEN. 2000. Biodiversity: extinction by numbers. *Nature*, 403:843–845.
- PIRES, A., A. CHIARELLO, S.L. MENDES & E.N. DE MATOS. 2005. Os Corredores Central e da Serra do Mar na Mata Atlântica brasileira, 119-132. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de Ciências Aplicadas à Biodiversidade.
- PRITCHARD, J. K., M. STEPHENS & P. DONNELLY. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945–959.
- PROCTOR, M., B. MCLELLAN, C. STROBECK & R. BARCLAY. 2005. Genetic analysis reveals demographic fragmentation of grizzly bears yielding vulnerably small populations. *Proceedings Royal Society B*, 272, 2409–2416.
- PRUM, R. 1988. Historical relationships, among avian forest areas of endemism in the neotropics. *Proceedings of the International Ornithological Congress*, 19:2562-2572.

- PUTH L. & K. WILSON. 2001. Boundaries and corridors as a continuum of ecological flow control: lessons from rivers and streams. *Conservation Biology*, 15:21–30.
- QUIROGA-CASTRO, V.D. & A.I. ROLDAN. 2001. The fate of *Attalea phalerata* (Palmae) seeds dispersed to a tapir latrine. *Biotropica* 33: 472–477.
- RABINOWITZ, A. & K. A. ZELLER. 2010. A range-wide model of landscape connectivity and conservation for the jaguar, *Panthera onca*. *Biological Conservation*, 143:949-955.
- RIBEIRO, M.C., J. P. METZGER, A.C. MARTENSEN, F. PONZONI, & M.M. HIROTA. 2009. Brazilian Atlantic forest: how much is left and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. *Biological Conservation*, 142:1141–1153.
- RIZZINI, C.T. 1997. Tratado de fitogeografia do Brasil. Rio de Janeiro: Editora Âmbito Cultural.
- ROBERGE, J.M. & P. ANGELSTAM. 2004, Usefulness of the umbrella species concept as a conservation tool. *Conservation Biology*, 18:76–85.
- ROBINSON, J.G. & K.H. REDFORD. 1986. Body size, diet, and population density of Neotropical forest mammals. *American Naturalist*, 128 (5):665-680.
- ROBINSON, J.G. & K.H. REDFORD. 1991. Sustainable harvest of neotropical forest mammals. Pages 415-429 Em J.G. Robinson e K.H. Redford, (Eds). *Neotropical wildlife use and conservation*. Chicago University Press, Chicago.
- ROSENBERG, D.K., B.R. NOON & E.C. MESLOW. 1997. Biological corridors: form, function, and efficiency. *BioScience* 47: 677–687.
- SALA, O.E, F.S. CHAPIN, J.J. ARMIST, E. BERLOW, J. BLOOMFIELD, R. DIRZO, E. HUBER-SANWALD, L.F. HUENNEKE, R.B. JACKSON, A. KINZIG, R. LEEMANS, D.M. LODGE, H.A. MOONEY, M. OESTERHELD, N. LEROY POFF, M.T. SYKES, B.H. WALKER, M. WALKER & D.H WALL. 2000. Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science*, 287:1770–1774.
- SALAS, L. & T. FULLER. 1996. Diet of the lowland tapir (*Tapirus terrestris*L.) in Tabaro river valley, southern Venezuela. *Canada Journal of Zoology*, 74:1444–51.
- SANDERSON, E.W., K.H. REDFORD, A. VEDDER, P.B. COPPOLILLO & S.E. WARD. 2002. A conceptual model for conservation planning based on landscape species requirements. *Landscape and Urban Planning*, 58: 41–56.
- SIMBERLOFF, D.S. & L.G. ABELE. 1976. Island biogeography theory and conservation practice. *Science*, 191: 285–286.
- SIMBERLOFF, D.S. & J. COX. 1987. Consequences and costs of conservation corridors. *Conservation Biology*, 1:63–71.
- SIMBERLOFF, D.A., J.A. FARR, J. COX, J. & D.W. MEHLMAN. 1992. Movement corridors:

conservation bargains or poor investments? *Conservation Biology*, 6:493–504.

SOULÉ M. E. & G. E. ORIAN. 2001. *Conservation biology: research priorities for the next decade*. Island Press, Washington, D.C.

TEWKSBRURY, J. J., D. J. LEVEY, N. M. HADDAD, S. SARGENT, J. L. ORROCK, A. WELDON, B. J. DANIELSON, J. BRINKERHOFF, E. I. DAMSCHEN & P. TOWNSEND. 2002. Corridors affect plants, animals and their interactions in fragmented landscapes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 99:12923–12926.

TOBLER, M. 2008. *The ecology of the lowland tapir in Madre de Dios, Perú: using new technologies to study large rainforest mammals (PhD dissertation)*. Texas A&M University, College Station, TX, USA.

TROLLE, M., A.J. NOSS, J.L.P. CORDEIRO & F.L.B. OLIVEIRA. 2008. Brazilian tapir density in the Pantanal: a comparison of systematic camera trapping and line transect surveys. *Biotropica* 40, 211–17.

VITOUSEK, P., H. MOONEY, J. LUBCHENCO & J.M. MELILLO. 1997. Human domination of Earth's ecosystems. *Science*, 277:494–499

WAITS, L. 1999. Molecular genetic applications for bear research. *Ursus*, 11:253-260.

WAITS, L. & PAETKAU, D. 2005. Noninvasive genetics sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*, 69 (4):1419-1433.

ZELLER, K., S. NIJHAWAN, R. SALOM-PEREZ, S. POTOSME & J. HINES. 2011. Integrating occupancy modeling and interview data for corridor identification: A case study for jaguars in Nicaragua. *Biological Conservation*, 144:892-901.

LRH: Moreira-Ramírez, Sanches, Galetti.

EFETIVIDADE DA SERRA DO MAR COMO CORREDOR PARA UM GRANDE MAMÍFERO NA MATA ATLÂNTICA

José Fernando Moreira-Ramírez¹, Alexandra Sanches¹, Mauro Galetti¹

¹Laboratório de Biologia da Conservação, Departamento de Ecologia, Universidade Estadual Paulista (UNESP), Caixa Postal 199, Rio Claro, 13506-900, SP, Brasil.

Corresponding author:

Received _____ ; **Revision accepted** _____

RESUMO

Os corredores de mata contínua podem mitigar os efeitos adversos da fragmentação do habitat mediante a restauração ou manutenção da conectividade entre as populações. No entanto, a eficácia dos corredores raramente tem sido avaliada. A anta (*Tapirus terrestris*), o maior mamífero neotropical do Brasil é um importante dispersor de sementes a longas distâncias, com capacidade de atravessar a matriz em paisagens fragmentadas. Usamos uma amostragem não-invasiva, a análise de cinco microssatélites e o método Bayesiano para avaliar a eficácia da Serra do Mar como corredor para a anta na Mata Atlântica. As duas localidades estudadas foram Intervales (N=55) e Caraguatatuba (N=76) as quais estão separadas por aproximadamente 300 km de distância em linha reta. Com estas análises identificamos 16 e 23 indivíduos para Intervales e Caraguatatuba respectivamente. Para Intervales e Caraguatatuba estimamos uma densidade mínima e máxima que variou entre 0,20 e 0,57 indivíduos por km² e 0,13 e 0,21 indivíduos por km². A diversidade genética estimada para as duas localidades foi baixa comparada com as populações do Parque Estadual Carlos Botelho e Núcleo Santa Virgínia. Achamos níveis baixos do valor de F_{ST} (0,006) e a análise Bayesiana não indicou um claro padrão de estruturação entre as localidades de Intervales e Caraguatatuba. Altos valores de endogamia mostram possíveis entrecruzamentos entre indivíduos com alto grau de parentesco nas duas localidades estudadas. Os nossos resultados indicam que o corredor da Serra do Mar no estado de São Paulo é funcional e apresenta-se como um canal para o fluxo de genes entre estas populações. No entanto, o desenvolvimento humano, pode dificultar a utilização do corredor da Serra do Mar por as antas. O método não invasivo de amostragem e as análises genéticas usadas podem ajudar a avaliar a eficácia dos corredores para identificar as ligações necessárias para manter a viabilidade populacional de espécies em perigo como as antas.

Palavras chave: Corredor da Serra do Mar; análise Bayesiana; diversidade genética; microssatélites; *Tapirus terrestris*.

INTRODUÇÃO

A PERDA E FRAGMENTAÇÃO DE HABITATS É UMA SÉRIA AMEAÇA À DIVERSIDADE BIOLÓGICA E É A PRINCIPAL CAUSA DA CRISE DE EXTINÇÃO ATUAL (Noss 1987; Saunders *et al.* 1991; Burkey & Reed 2006). Isso se evidencia principalmente nos grandes mamíferos, que necessitam de grandes áreas para desenvolverem as suas necessidades biológicas (Paetkau *et al.* 1995; Waits 1999; Pritchard *et al.* 2000; Cegelski *et al.* 2003; Proctor *et al.* 2005; Chetkiewicz *et al.* 2006). As rodovias e assentamentos humanos podem representar barreiras, reduzindo a circulação de indivíduos e isolando as populações desses animais (Cegelski *et al.* 2003; Proctor *et al.* 2005; Goossens *et al.* 2006).

Tradicionalmente, os corredores têm sido vistos como faixas lineares de habitat que facilitam a circulação de organismos através de paisagens (Puth & Wilson 2001). Corredores, muitas vezes em associação com a megafauna carismática, espécies-chave e guarda-chuva, podem ser um componente fundamental em planos de conservação (Chetkiewicz *et al.* 2006; Rabinowitz & Zeller 2010; Zeller *et al.* 2011). O objetivo dos corredores é combater os efeitos da perda de habitat e fragmentação, que são importantes causas de perda de biodiversidade (Dirzo & Raven 2003; Rabinowitz & Zeller 2010). Os corredores ajudam a aumentar a circulação de indivíduos entre populações isoladas (Dixon *et al.* 2006), resgatando, assim, as populações de extinções locais (Kadmon & Allouche 2007), a manutenção da diversidade genética através do fluxo gênico (Mech & Hallet 2001; Dixon *et al.* 2006), e a manutenção dos processos ecológicos (Levey *et al.* 2005). Testar a eficácia dos corredores é um desafio, pois a dispersão de longa distância dos organismos é rara, e não há nenhuma garantia de que animais marcados com rádio-colares serão indivíduos dispersores ou que contribuam para o fluxo gênico entre as populações (Koenig *et al.* 1996).

Análises genéticas podem proporcionar informações importantes sobre a estrutura populacional e fluxo gênico de espécies-chave para a conservação (Paetkau *et al.* 1995; Waits 1999; Pritchard *et al.* 2000; Cegelski *et al.* 2003; Proctor *et al.* 2005; Waits & Paetkau 2005). A anta (*Tapirus terrestris*) é uma espécie emblemática considerada espécie paisagem, está listada pela IUCN como vulnerável devido à perda de habitat, atropelamentos e caça (Chiarello 1999; Cullen *et al.* 2000; Naveda *et al.* 2008; Medici 2010) e recentemente foi catalogada para a Mata Atlântica como “Em Perigo” (Medici *et al.* 2012). A anta é um importante dispersor de sementes a longas distâncias (Bueno *et al.* 2013), pode ter grandes deslocamentos (Ayala 2003; Noss *et al.* 2003; Tobler 2008), tem a capacidade de atravessar a matriz em paisagens fragmentadas (Medici 2010), é muito caçada como fonte de proteína

(Cullen *et al.* 2000; Naveda *et al.* 2008) e é o maior mamífero nativo do Brasil (Naveda *et al.* 2008; Medici *et al.* 2012). Além disso, a anta tem baixa taxa de fecundidade, uma fêmea é sexualmente madura por volta dos 2 anos de idade e produz um só filhote depois de uma gestação que varia entre 13 e 14 meses e percorrem grandes distâncias conseguindo atravessar áreas com cultivos (Barongi 1993; Medici 2010).

A Mata Atlântica é um dos 25 *hotspots* de biodiversidade reconhecidos no mundo, atualmente há áreas deste bioma que perderam pelo menos 70% de sua cobertura vegetal original, mas que, juntas, abrigam mais de 60% de todas as espécies terrestres do planeta (Galindo-Leal & Câmara 2005). Provavelmente, este ecossistema é o mais devastado e mais seriamente ameaçado do planeta, sendo que o ritmo das mudanças está entre os mais rápidos, com isso, conseqüentemente se fazem necessárias ações urgentes de conservação. Embora a área de abrangência da Mata Atlântica seja estimada entre 1 a 1,5 milhões de km², restam apenas 7 a 8% da floresta original (Galindo-Leal & Câmara 2005; Ribeiro *et al.* 2009). Apesar de ser altamente fragmentada, a Mata Atlântica apresenta dois grandes corredores: Corredor Central e a Serra do Mar (Pires *et al.* 2005). A Serra do Mar é uma sub-região montanhosa costeira que se estende do Rio de Janeiro à porção norte do Rio Grande do Sul, cobre uma área de mata contínua de aproximadamente 111.580 km², sendo o maior fragmento de Mata Atlântica (Cardoso & Cateleti 2005, Ribeiro *et al.* 2009). Devido a estas características, a Serra do Mar foi classificada como uma Unidade de Conservação a longo prazo para as antas na Mata Atlântica (Taber *et al.* 2008). A anta está presente ao longo de todo o corredor da Serra do Mar (Jorge *et al.* 2013).

A pergunta principal deste trabalho foi: O maior remanescente de Mata Atlântica no estado de São Paulo serve como corredor para a população de anta? Por conseguinte, nossa predição é que existe um baixo grau de diferenciação genética entre o Parque Estadual de Intervales e o Núcleo Caraguatatuba. Este trabalho tem como objetivo (1) estimar a densidade mínima populacional da anta no Parque Estadual Intervales e no Núcleo Caraguatatuba (2) estimar o nível de variabilidade genética e (3) estimar a estrutura populacional da anta no corredor da Serra do Mar, São Paulo, Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

ÁREA DE ESTUDO. — O presente estudo foi realizado em duas áreas protegidas da Mata Atlântica no Estado de São Paulo: Parque Estadual Intervales (a partir de agora Intervales) e Núcleo Caraguatatuba do Parque Estadual da Serra do Mar (a partir de agora Caraguatatuba, Fig. 2-1). Intervales encontra-se inserido nos municípios de Guapiara, Ribeirão Grande, Sete Barras, Eldorado e Iporanga, entre as coordenadas 24°12' e 24°32' S, e 48°03' e 48°32' O. A área de abrangência é de 41.705 ha (IF 2008). Intervales não tem rodovias pavimentadas dentro do parque e o acesso é difícil até o centro do parque. Caraguatatuba encontra-se localizado nos municípios de Caraguatatuba, Paraibuna, e Natividade da Serra, entre as coordenadas 23°35' S, e 45°25' O (IF 2008). A área de abrangência é de cerca de 88.000 ha (IF 2006). Caraguatatuba é cortada por uma das principais rodovias estaduais que leva até a cidade do mesmo nome (45 ° 25 '57 "W e 23 ° 35' 52" S) a qual tem um centro urbano populoso (> 100.000 habitantes) no limite do parque. A parte ocidental da área protegida também é atravessada por uma estrada de mais de 40 km sendo um dos principais acessos da companhia de petróleo brasileira "Petrobras" dentro do parque. A estrada e o oleoduto facilitam o acesso a "remotas" regiões do parque e são os dois principais vetores de pressão antrópica (caça ilegal e a extração do palmito) (IF 2008). O clima regional nas duas áreas é subtropical, com temperatura média anual de 23,2° C e precipitações médias anuais entre 1400-4000 mm (Mantovani 1993).

ESPÉCIE DE ESTUDO. — Na Mata Atlântica, 37% da floresta atual ainda é adequada para a sobrevivência da anta, sendo a Serra do Mar no estado de São Paulo, uma das principais áreas protegidas para sua conservação (Jorge *et al.* 2013). As populações de anta na Mata Atlântica estão classificadas como “Em perigo (EN)”, devido ao declínio da área de ocupação, da extensão de ocorrência e da qualidade do habitat da espécie. Só existem três áreas que mantêm populações viáveis com mais de 200 indivíduos, e 40% da população total está concentrada no maciço da Serra do Mar, em São Paulo e no Paraná. Uma grande parcela das populações está em áreas muito fragmentadas e sob forte impacto de caça, atropelamento, perda de qualidade de habitat, fogo, crescimento de centros urbanos e áreas rurais no entorno de Unidades de Conservação. Todas as populações com menos de 200 indivíduos podem desaparecer em até 33 anos, equivalente a três gerações, e mesmo as populações maiores estão sujeitas a declínios populacionais devido às mesmas pressões que atingem as populações pequenas (Medici *et al.* 2012).

Na Mata Atlântica do estado de São Paulo, a anta apresenta densidades que variam entre 0,20 até 0,84 indivíduos por km² (Cullen *et al.* 2000). Em áreas contínuas como a Serra do Mar não se tem informação sobre a densidade da espécie. Por isto, o Parque Estadual Intervales e o Núcleo Caraguatatuba foram escolhidos como áreas de amostragem, para estimar pela primeira vez a densidade, variabilidade genética e estrutura populacional da anta por médio de análises genéticas. Este estudo faz parte de um projeto maior que tenta conhecer o estado atual das populações de anta ao longo da Serra do Mar (Sanches, com. Pessoal), já que esta área protegida mantém 40% da população atual (Medici *et al.* 2012)

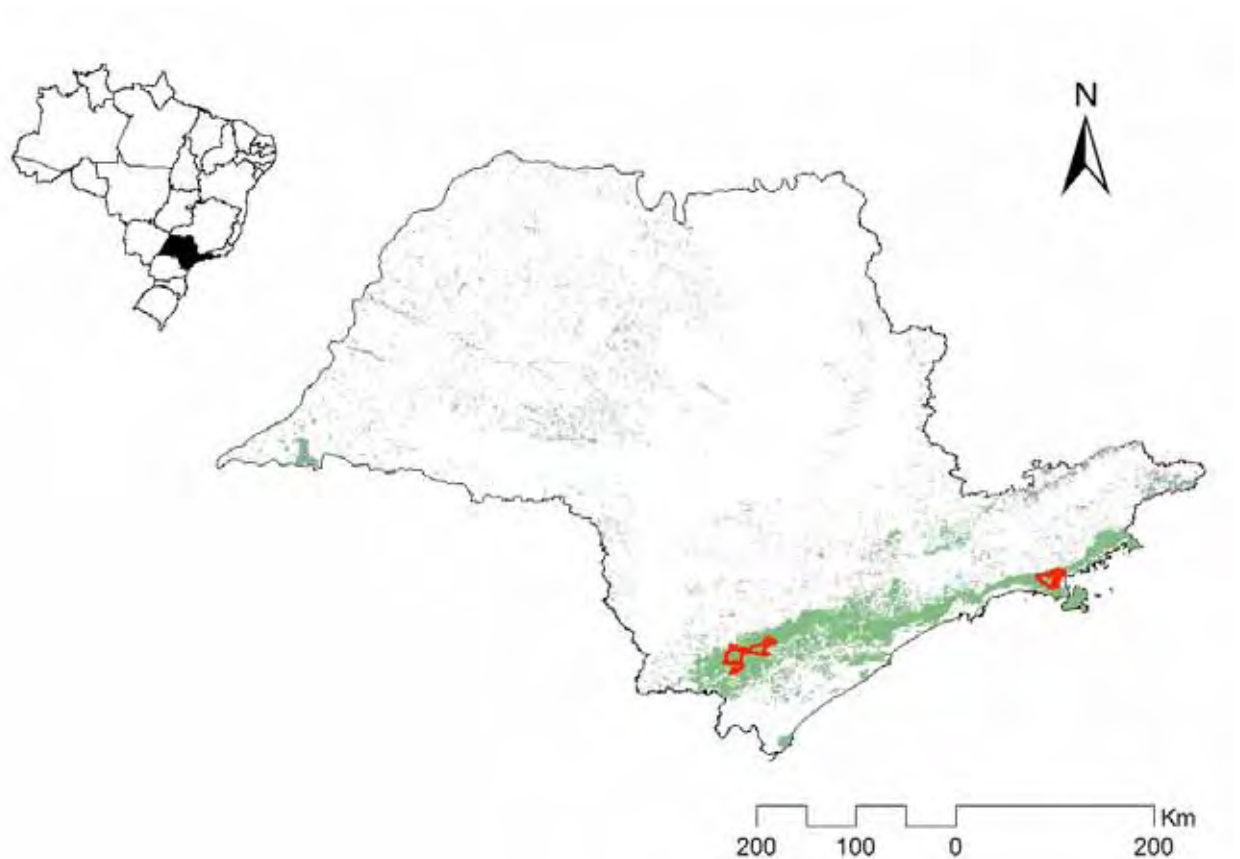


FIGURA 2-1. Localização das duas áreas de estudo (em vermelho) - da esquerda para a direita: Parque Estadual Intervales (Intervales) e Núcleo Caraguatatuba (Caraguatatuba). Entre as duas localidades existem ~ 300 km de distância em linha reta.

DADOS POPULACIONAIS: GENÉTICA. — PARA ESTIMAR A DIVERSIDADE GENÉTICA, ESTRUTURA POPULACIONAL E DENSIDADE MÍNIMA DA ANTA OPTAMOS POR UTILIZAR UM MÉTODO NÃO INVASIVO (Sanches *et al.* 2009). As fezes foram coletadas nas trilhas pré-existentes e em carreiros das antas. Foram coletadas 55 amostras de fezes em Intervales e 76 em Caraguatatuba, sendo amplificadas somente 17 e 25 do material fecal coletado para Intervales e Caraguatatuba, respectivamente. As coletas de amostras fecais foram georeferenciadas e armazenadas em tubos com etanol 100%.

As extrações de DNA a partir das amostras fecais das antas foram realizadas mediante a utilização do kit “QIAmp DNA Stool Mini Kit” (Quiagen), especialmente desenvolvido para esse tipo de material (Sanches *et al.* 2009). Estes procedimentos foram realizados no Laboratório de Ecologia Microbiana e Molecular LABEMIM, no Departamento de Ecologia. As amostras de DNA foram genotipadas com a utilização de um painel de cinco locos de microsatélites (Tter 3, Tter 5, Tter 9, Tter 10, Tter 18), não-ligados, desenvolvidos para *T. terrestris* (Sanches *et al.* 2009). As PCRs foram conduzidas utilizando o protocolo proposto por Schuelke (2000), que utiliza os primers específicos para os locos mais um primer adicional para a incorporação de uma marcação fluorescente no fragmento amplificado, possibilitando a genotipagem em sequenciador automático. A reação em cadeia da polimerase foi realizada num volume final de 12 µl contendo 3 µl de DNA (20 ng/µl), 0,2 mM, buffer de reação em cadeia da polimerase 1X, 8 pmol de primer reverso, 8 pmol de primer 6-FAM ou NED M13 (-21), 2 pmol de primer *forward*, 3.3 mM de MgCl₂ e 0.5 U de Taq DNA polimerase (Invitrogen). As condições das PCR para todos os *loci* foram as seguintes: 95°C (5 min), 35 ciclos a 94°C (30 s), 56-58°C (1 min), 72°C (45 s), seguidas por 15 ciclos a 94°C (30 s), 53°C (45 s), 72°C (45 s) e no final uma extensão a 72°C (10 min) (Sanches *et al.* 2009). As genotipagens foram realizadas mediante serviço terceirizado, em sequenciador ABI3730 DNA Analyzer (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA) e os genótipos foram definidos por meio da análise no software GeneMarker, versão demo1.85 (SoftGenetics LLC [™]). Todas as amostras foram amplificadas e genotipadas de forma independente, pelo menos duas vezes para verificar se houve erros de genotipagem. Na maioria dos casos, estes dois genótipos eram idênticos. Quando foram observados diferentes genótipos, repetimos o procedimento de genotipagem até obter um genótipo consenso.

ANÁLISES DOS DADOS. — Os genótipos foram utilizados na identificação de cada um dos indivíduos amostrados e, assim, foi estimada a abundância mínima. Para calcular a área de amostragem estimou-se o Polígono Mínimo Convexo (PMC) representado pelas coordenadas geográficas das fezes coletadas mais externas na área de estudo. O PMC foi estimado através do programa Quantum GIS versão 1.8.0 (<http://www.qgis.org>). Para calcular a densidade mínima populacional foi dividida a abundância mínima estimada para cada localidade entre a área estimada do PMC. Dada a distribuição espacial dos indivíduos identificados (Fig. 2-2 e 2-3), para Intervalles e Caraguatatuba foram estimadas duas densidades, uma mínima e uma máxima. A identificação individual foi feita com o auxílio do programa GIMLET (Valiére 2002) em que os genótipos obtidos para os diferentes *loci* avaliados podem ser analisados em conjunto. Usando o programa Identity (Allen *et al.* 1995) identificou-se animais que eram susceptíveis de terem sido amostrados mais de uma vez durante o estudo. Com este programa estimou-se a probabilidade de exclusão total e a probabilidade de identidade total (PI). A probabilidade de identidade foi calculada para cada loco e em todos os *loci*, a fim de avaliar o número de genótipos idênticos que esperávamos encontrar por acaso.

A diversidade genética foi analisada pelo cálculo do número de alelos e heterozigosidade observada e esperada usando GENEPOP 3.4 (Raymond & Rousset 1995). A riqueza alélica foi estimada usando FSTAT 2.9.3.2 (Goudet 2002) para cada locus e localidade. Estas medidas foram comparadas entre os locais usando o teste de Wilcoxon. Desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg foram avaliados por meio de testes de probabilidade realizados no GENEPOP. Em casos de comparações múltiplas, aplicamos correções de Bonferroni (Rice 1989).

Utilizamos o teste de atribuição de população implementado no programa Structure V.2.3.4 para atribuir as antas em um grupo (*cluster*) ou população com base em seus genótipos sem levar em conta de onde foram coletadas as amostras (Pritchard *et al.* 2000). As frequências alélicas foram assumidas independentemente e as análises foram conduzidas com 50.000 simulações e 100.000.000 de repetições de cadeia de Markov Monte Carlo. Usamos o modelo de mistura (Admixture), o que pressupõe que cada indivíduo tem alguma proporção de associação (q) a partir de cada um dos grupos K (Pritchard *et al.* 2000). As análises foram realizadas com o número de grupos (K) ajustado de 1 a 4 para determinar o número provável de aglomerados representativo dos dados com análises de 10 réplicas por cada K (Pritchard *et al.* 2000). O número mais provável de grupos em nossa amostra foi determinado utilizando a abordagem ΔK (Evanno *et al.* 2005) implementado em Structure Harvester v0.56.3. (Earl e vonHoldt 2011).

Além disso, como medida de distância genética entre populações foi utilizado o índice de fixação F_{ST} , de Weir e Cockerham (1984), testando a significância usando o G-test e 10,000 simulações efetuadas pelo programa FSTAT (Goudet 1995).

RESULTADOS

No Parque Estadual Intervales foram coletadas 55 amostras fecais em um gradiente altitudinal entre 302 até 976 metros, em um esforço percorrido de 258,9 km. No Núcleo Caraguatatuba foram coletadas 76 amostras fecais em um gradiente altitudinal entre 530 até 865 metros, em um esforço percorrido de 351,6 km. Para Intervales e Caraguatatuba foram amplificadas somente 17 e 25 do material fecal coletado respectivamente. Foram identificados 16 indivíduos para Intervales e 23 indivíduos para Caraguatatuba, com sucesso de amplificação de 31 e 33% respectivamente (Tabela 2-1).

TABELA 2-1. Número de fezes coletadas, esforço, número de indivíduos identificados, sucesso de amplificação, recapturas e distância medida através de recapturas das antas em Intervales e Caraguatatuba.

Locais	Fezes	Esforço (km)	No. de indivíduos identificados	Sucesso de amplificação	Recapturas	Distância medida através de recapturas (km)
Intervales	55	258,9	16	31%	1	3,88
Caraguatatuba	76	351,60	23	33%	2	5,22
						0,91

NÚMERO DE INDIVÍDUOS IDENTIFICADOS. — Por meio do programa GIMLET foram identificados 16 e 23 indivíduos para Intervales e Caraguatatuba respectivamente, os quais foram genotipados utilizando cinco *loci* de micossatélites (Apêndice 1). Para Intervales foi identificada uma recaptura (I02a-I13b). Para Caraguatatuba foram identificadas duas recapturas (C04-C23 e C07-C35). A distância máxima percorrida para o único indivíduo recapturado em Intervales foi 3,88 km. As distâncias máximas percorridas para os indivíduos recapturados em Caraguatatuba foram 5,22 km para C12a-C35a e 0,91 km para C15a-C28a (Tabela 2-1).

DENSIDADE ESTIMADA.— Para estimar a densidade foi dividida a abundância obtida pela identificação dos genótipos para cada localidade entre a área do Polígono Mínimo Convexo (PMC). O PMC foi estimado unindo as localizações das fezes mais externas. No caso de Intervales, foram estimadas duas densidades devido à distribuição espacial das amostras fecais coletadas, a primeira baseada no PMC obtido na parte norte do Parque e a outra unindo as fezes coletadas tanto na parte norte como na sul. A área mínima e máxima do PMC estimadas para Intervales foram 26,37 km² e 78,33 km² respectivamente (Fig. 2-2). A área mínima e máxima do PMC estimadas para Caraguatatuba foram 110 km² e 172,84 km² respectivamente (Fig. 2-3). A densidade estimada foi obtida dividindo o número de indivíduos identificados entre o PMC. As densidades mínima e máxima estimadas para Intervales foram 0,20 e 0,57 Indivíduos/km² respectivamente. As densidades mínima e máxima estimadas para Caraguatatuba foram 0,13 e 0,21 indivíduos/km². Estas densidades devem de ser tomadas com cautela já que a estimativa da área de estudo e a abundância podem estar subestimadas. Devido ao fato de não haver um número suficiente recapturas, não foi possível fazer um análise de captura-recaptura, a qual seria mais precisa para estimar a abundância e densidade (Karanth & Nichols 1998).



FIGURA 2-2. Localização dos indivíduos identificados (estrelas amarelas), fezes coletadas (pontos azuis) e o Polígono Mínimo Convexo estimado (em vermelho, 26,37 km² e 78,33 km²) no Parque Estadual Intervales. A cor verde mostra a presença de Mata Atlântica atual. A cor branca mostra ausência de floresta.

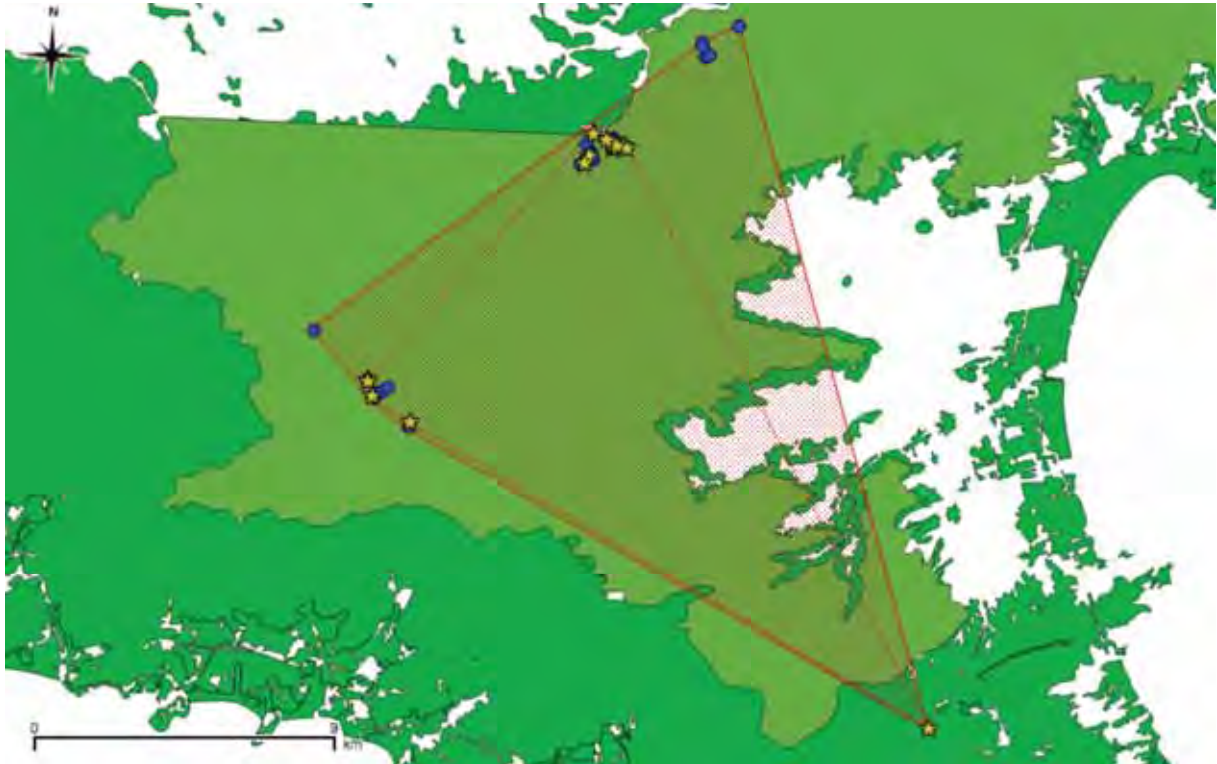


FIGURA 2-3. Localização dos indivíduos identificados (estrelas amarelas), fezes coletadas (pontos azuis) e Polígono Mínimo Convexo estimado (em vermelho, 110 km² e 172,84 km²) para o Núcleo Caraguatatuba. A cor verde mostra a presença de Mata Atlântica atual. A cor branca mostra ausência de floresta.

PROBABILIDADE DE IDENTIDADE TOTAL. — A probabilidade de identidade total foi muito baixa ($7,7 \times 10^{-8}$), indicando que encontrar uma correspondência de um genótipo por acaso, com a utilização dos cinco microssatélites *loci* descritos, é quase insignificante e implica que quaisquer genótipos idênticos encontrados no conjunto de dados são, provavelmente, resultantes de eventos de re-amostragem. O valor estimado da probabilidade de exclusão total foi relativamente alto (0,998) indicando baixa probabilidade de haver dois ou mais genótipos iguais dentro das amostras.

NÍVEL DE VARIABILIDADE GENÉTICA. — Observamos entre 4-10 alelos por locus nas duas localidades amostradas (Tabela 2-2). Caraguatatuba teve a média do número de alelos similar (8) a Intervalos (7,4). Observamos moderados níveis na diversidade genética baseados na média da riqueza alélica (Intervalos 4,93 e Caraguatatuba 4,97) e na média da heterozigosidade observada (Intervalos 0,23 e Caraguatatuba 0,16). Baseados na média da heterozigosidade esperada (Intervalos 0,86 e Caraguatatuba 0,85) observa-se alto nível de diversidade genética. Não encontramos diferenças significativas entre Intervalos e

Caraguatatuba para o número de alelos ($W = 6,5$, $P=0,46$), riqueza alélica ($W = 12,5$, $P>0,05$), heterozigosidade esperada ($W = 12$, $P>0,05$), heterozigosidade observada ($W = 13,5$, $P = 0,92$) e coeficiente de endogamia F_{IS} ($W = 14$, $P = 0,96$).

Para Intervalos e Caraguatatuba obtivemos baixa diversidade genética baseada na média da riqueza alélica e na média da heterozigosidade esperada comparada com os resultados obtidos de um estudo similar em duas outras áreas dentro do corredor da Serra do Mar, PE Carlos Botelho e Núcleo Santa Virgínia/PE Serra do Mar (Riqueza Alélica 6,32, 8,02; Heterozigosidade esperada 0,52, 0,58) (Sanches comunicação pessoal).

O valor médio de F_{IS} foi alto para as duas localidades (Intervalos 0,75 e Caraguatatuba 0,81).

A proporção de aleatorização resultou em um F_{IS} maior do que o observado, e juntando todos os *loci* foi estatisticamente significativo ($P=0,005$). Apenas para o *locus* Tter9 o valor de F_{IS} não foi estatisticamente significativo ($P = 0,05$). Este resultado fornece indícios de uma deficiência de heterozigotos, o que pode ser o resultado de endogamia por relacionamentos entre parentes. Outra possibilidade pode ser a falta de dados, sobretudo informação de indivíduos identificados para Intervalos.

Em Intervalos só o *loci* Tter10 não teve desvio significativo do equilíbrio de Hardy-Weinberg ($P = 0,01$, o valor crítico depois da correção de Bonferroni). Para Caraguatatuba houve desvios significativos do equilíbrio de Hardy-Weinberg para todos os *loci* ($P < 0,01$). Este resultado está em conformação com os altos valores de F_{IS} encontrados na análise anterior.

TABELA 2-2. Número de alelos (NA), riqueza alélica (RA), heterozigosidade esperada (H_E), heterozigosidade observada (H_O) e coeficiente de endogamia (F_{IS}) para os cinco *loci* de microsatélites de *Tapirus terrestris* analisados para Intervalos e Caraguatatuba.

Locais (a)	Loci	Tter 3	Tter 5	Tter 9	Tter 10	Tter 18	Média (DP)
Intervalos (16)	NA	9	10	6	4	8	7,40±2,41
	RA	4,95	5,74	5,06	4	4,92	4,93±0,62
	H_E	0,84	0,9	0,86	0,86	0,84	0,86±0,02
	H_O	0,13	0,19	0,5	0	0,33	0,23±0,19
	F_{IS}	0,86	0,80	0,44	1	0,62	0,75
Caraguatatuba (23)	NA	10	10	6	5	9	8±2,34
	RA	5,8	4,92	4,01	4,73	5,37	4,97±0,68
	H_E	0,91	0,83	0,74	0,87	0,88	0,85±0,07
	H_O	0,2	0,22	0,13	0,2	0,07	0,16±0,06
	F_{IS}	0,78	0,74	0,82	0,79	0,92	0,81

^a Número de indivíduos identificados estão entre parentesis.

ESTRUTURA POPULACIONAL. — Para estimar a estrutura populacional foram feitas duas análises distintas. Primeiro foi estimada a distância genética entre populações utilizando o índice de fixação F_{ST} , de Weir e Cockerham (1984). Como segunda análise utilizamos o teste de atribuição de população implementado no programa Structure V.2.3.4 para atribuir as antas em um grupo (*cluster*) ou população com base em seus genótipos sem levar em conta de onde foram coletadas as amostras (Pritchard *et al.* 2000). O valor de F_{ST} observado para Intervalos e Caraguatatuba foi 0,006, sendo significativamente diferente de zero ($P < 0,01$, teste exato do Fisher), indicando um baixo grau de diferenciação genética entre as duas localidades. Com base na análise Bayesiana feita no programa Structure (Fig. 2-4), estimaram-se dois grupos entre as duas localidades. No entanto, não foi observado um padrão claro de estruturação genética entre as duas áreas amostradas. Tanto para o cluster celeste como o vermelho foi observado um alto grau de mistura, o que demonstra alto grau de fluxo gênico entre as localidades de Intervalos e Caraguatatua. Usando o método de Evanno *et al.* (2005), o valor de K estimado foi $K=2$ (Fig. 2-5, Tabela 2-3).

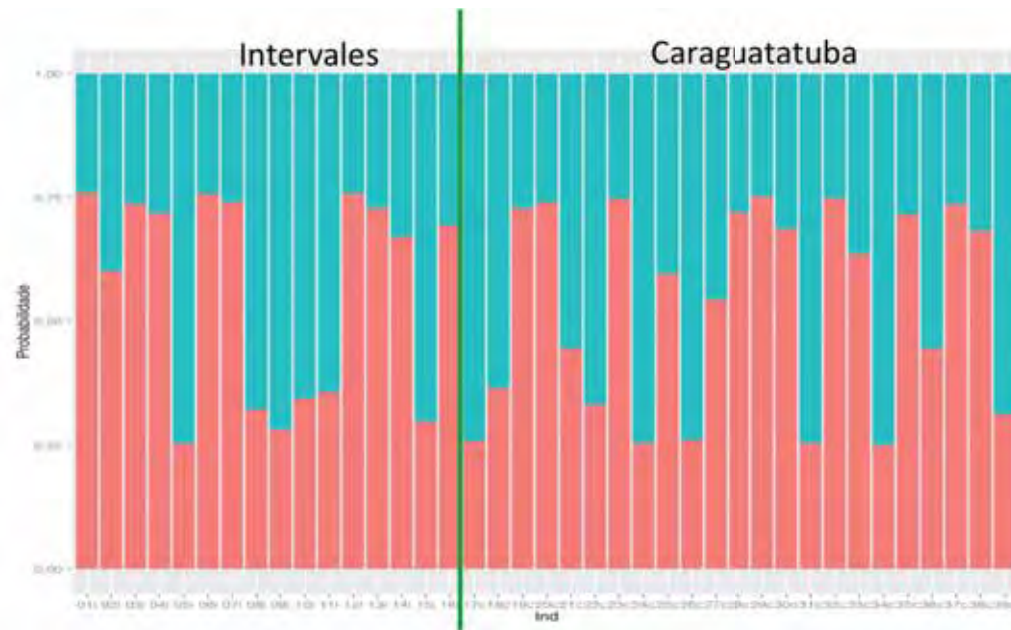


FIGURA 2-4. Análise Bayesiana das antas na Serra do Mar. A figura mostra a probabilidade de atribuição de cada indivíduo (linhas verticais) em cada um dos dois grupos ($K = 2$, vermelho e celeste) entre as 28 antas amostradas em (1) Intervalos e (2) Caraguatatuba. A linha verde representa a divisão entre os indivíduos de Intervalos e Caraguatatuba.

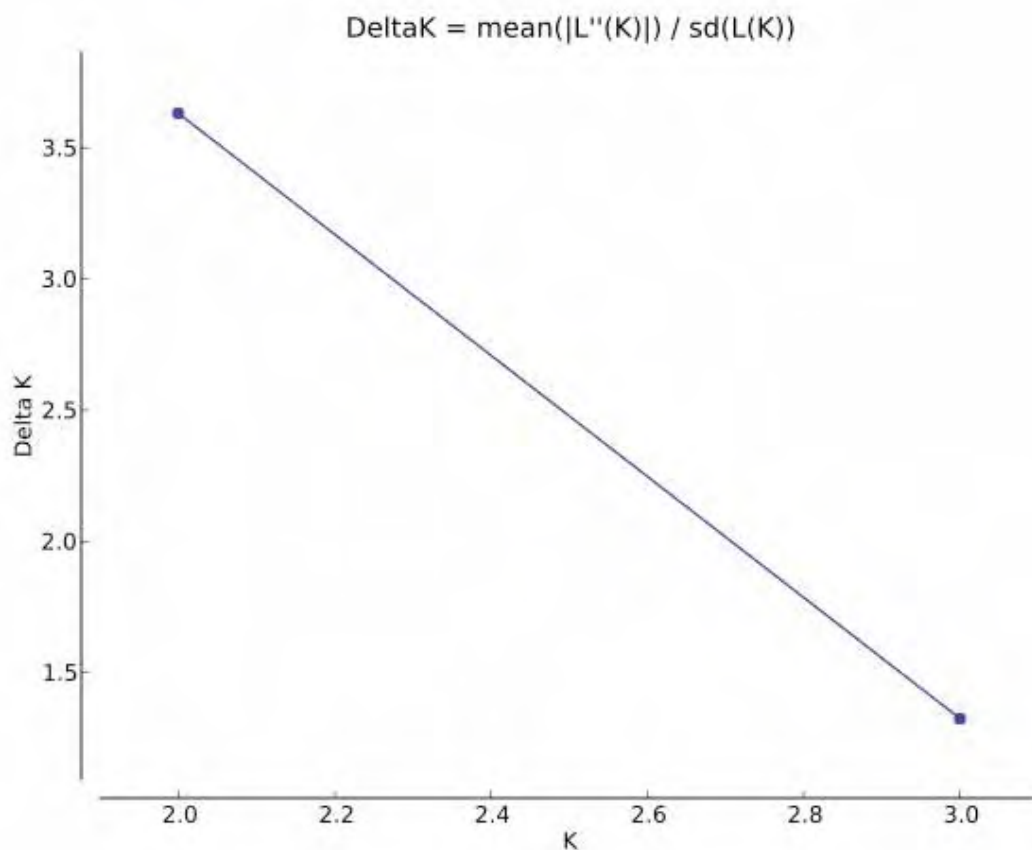


FIGURA 2-5. Alterações de ΔK em função de K (o número de grupos) no análise de Structure. O valor mais alto de K foi 2, indicando que as amostras de duas localidades representam duas populações.

TABELA 2-3. Numero de K , Repetições, Media do $\text{LnP}(K)$, Desvio Padrão do valor de $\text{LnP}(K)$ e o valor do Delta K . O valor mais alto de K foi 2 (preto), indicando que as amostras de duas localidades representam duas populações.

K	Repetições	Media $\text{LnP}(K)$	Desvio Padrão $\text{LnP}(K)$	Delta K
1	10	-642,93	106,20	NA
2	10	-589,70	10,37	3,63
3	10	-574,12	26,34	1,32
4	10	-523,66	15,80	NA

DISCUSSÃO

Embora o papel dos corredores de conservação tem sido debatido (Simberloff *et al.* 1992; Rosenberg *et al.* 1997; Niemela 2001), a importância da conectividade foi bem estabelecida na biologia da conservação (Harris 1984; Noss & Harris 1986; Noss 1987; Beier & Noss 1998). Planos de conservação com foco na proteção de redes regionais de terras conectadas têm sido desenvolvidos nos últimos anos, embora sejam necessários mais dados para avaliar a funcionalidade dos corredores para orientar melhor esses esforços de planejamento no futuro (Noss & Harris 1986; Hctor *et al.* 2000; Larkin *et al.* 2004). Nós avaliamos a funcionalidade da Serra do Mar no estado de São Paulo como corredor para a anta por meio de amostragem não-invasiva, análises genéticas, e testes de atribuição populacional. O resultado estatístico de F_{ST} (0,006) e a análise Bayesiana mostram uma baixa estruturação genética entre as duas localidades estudadas. Testes de atribuição da população indicaram que a maioria das antas tem origem nas duas populações amostradas, existindo um alto grau de fluxo gênico entre ambas. Portanto, nossa hipótese que predisse que a Serra do Mar no estado de São Paulo funciona como corredor para a anta mantendo uma população panmítica foi aceita. Este resultado era o esperado, dada a continuidade da floresta pela Serra do Mar e as capacidades de dispersão das antas. Resultados similares foram obtidos para populações em duas diferentes áreas do corredor da Serra do Mar, PE Carlos Botelho e Núcleo Santa Virgínia (PE Serra do Mar) (A. Sanches, comunicação pessoal).

A detecção da baixa estrutura genética nesta escala espacial (separação de ~ 300 km em linha reta entre Intervales e Caraguatatuba) é ainda similar aos resultados obtidos em populações da anta centro-americana (*Tapirus baridii*) da Costa Rica e Panamá (Norton & Ashley 2004), que apresentaram moderados níveis de diferenciação genética (F_{ST} = 0,059 – 0,18), separadas por uma distância de aproximadamente 500 km. Essa diferença entre os níveis de

diferenciação genética entre *T. bairdii* e *T. terrestris* pode ser devido à perturbação humana na paisagem. Na América Central, o maior desenvolvimento industrial e agrícola deve ter ocorrido, pelo menos entre 50 a 100 anos atrás (Brockett 1998; Norton & Ashley 2004). No entanto, o desenvolvimento industrial dentro do estado de São Paulo surgiu há mais de 200 anos (Dean 1996) e esse desenvolvimento teria resultado na destruição e fragmentação do habitat de *T. terrestris* facilitando o acesso a caçadores (Norton & Ashley 2004). O nível de diferenciação genética entre as populações da anta foi substancialmente menor do que entre outras populações de grandes mamíferos (por exemplo, pumas ($F_{ST} = 0,01-0,37$; Ernest *et al.* 2003), wolverines ($F_{ST} = 0,01-0,21$; Kyle & Strobeck 2001; Walker *et al.* 2001), lince ($F_{ST} = 0,01-0,29$; Hellborg *et al.* 2002; Schwartz *et al.* 2002).

Para Intervalos e Caraguatatuba obtivemos baixa diversidade genética baseada na média da riqueza alélica e na média da heterozigosidade esperada comparada com os resultados de outras Unidades de Conservação dentro da Serra do Mar como Carlos Botelho e Santa Virgínia (Riqueza Alélica 6,32, 8,02; Heterozigosidade esperada 0,52, 0,58, Sanches dados não publicados). No entanto nossos resultados de variabilidade genética, baseados na média da riqueza alélica ($5,0 \pm 1,24$) e na heterozigosidade esperada ($0,67 \pm 0,07$), são similares ao estimado por Gonçalves e colaboradores (2010) para antas (*Tapirus terrestris*) cativas na Argentina.

Resultados similares foram encontrados para 3 populações (Belize, Costa Rica e Panamá) de *T. bairdii* (Norton & Ashley 2004). Os valores médios para número de alelos, heterozigosidade observada e esperada foram 3,8; 0,44 e 0,39 respectivamente. Baixos níveis de variabilidade genética, heterozigosidade e riqueza alélica foram usados como sinais de populações que experimentaram gargalos de garrafa e apresentaram declínios populacionais severos (por exemplo, Gotelli *et al.* 2012; Goodman *et al.* 2001; Whitehouse & Harley 2001). A ocorrência de um evento de gargalo em um passado mais distante poderia diminuir significativamente o número de alelos na espécie. Em geral, uma redução no tamanho da população efetiva após um gargalo de garrafa está correlacionada com um decréscimo na diversidade alélica e, mais tarde, da heterozigosidade (Nei 1987). Em nosso estudo, não houve sinal da ocorrência de gargalo, já que não foi detectado excesso de heterozigotos significativos para nenhum dos locos (Cornuet & Luikart 1997).

As antas têm a habilidade de atravessar habitats de baixa qualidade, como áreas com agricultura e pastagens, com a finalidade de alcançar fragmentos de floresta (Medici 2010). No Parque Estadual Morro do Diabo, antas estudadas por meio de telemetria conseguem sair das áreas cerne (*core areas*) que estão nas zonas mais preservadas, para áreas menos

preservadas. Nestes deslocamentos pela paisagem, as antas percorrem especialmente plantações de cana de açúcar e milho chegando a usar estes cultivos como alimento (Medici 2010). Uma fêmea sub-adulta que foi monitorada por 35 meses com telemetria VHF teve a distância máxima de movimento de 6,11 km (Médici 2010). Tem sido sugerido que a dispersão de indivíduos sub-adultos pode ser capaz de manter a conectividade entre as populações, mesmo quando as populações são fragmentadas (Noss *et al.* 1999). Estes deslocamentos podem ser limitados quando existem barreiras significativas para o movimento dos indivíduos entre as populações. Alto volume de rodovias e outras barreiras humanas podem agir como barreira, o que tem sido relatado para outras populações de mamíferos de grande porte ocupando habitats contíguos (Paetkau *et al.* 1997). Barreiras antrópicas, como estradas ou outro tipo de desenvolvimento humano podem limitar a distribuição de espécies e fluxo gênico (Mader 1984; Cegeslky *et al.* 2003). O modelo para prever o potencial habitat de adequação para antas em Caraguatatuba mostrou que as variáveis mais importantes que contribuíram para explicar melhor o modelo foram: distância da estrada, altitude e distância da borda do parque (Norris *et al.* dados não publicados). Estas análises mostram a sensibilidade que as antas têm sobre as mudanças na paisagem pelo desenvolvimento humano. Possivelmente a grande maioria de antas que morrem atropeladas são indivíduos jovens na tentativa de se dispersar ou migrar para outras localidades a fim de procurar novos territórios para se reproduzir. A fragmentação das populações por estradas tem sido relatada por reduzir o nível do fluxo gênico em várias populações naturais (por exemplo, sapos *Rana arvalis* (Vos *et al.* 2001) e pequenos roedores *Clethrionomys glareolus*, (Gerlach & Musolf 2000). No entanto, nosso estudo mostra que as antas ainda tem a capacidade de se deslocar ao longo do corredor da Serra do Mar, mantendo o fluxo gênico e uma população panmítica.

A densidade estimada para Intervales e Caraguatatuba neste estudo através de análises genéticas foram similares (0,20-0,57 e 0,13-0,21 indivíduos por km² respectivamente. Tabela 2-4). Esta estimativa de densidade respalda os esforços de conservação que se tem nesta área, onde a caça desta espécie tem diminuído. As outras estimativas de densidade feitas em Intervales e Caraguatatuba são mais baixas em relação às áreas fragmentadas como o Morro do Diabo (0,34-0,64 indivíduos por km², Medici 2010) e na Estação Ecológica Caetetús (0,47 indivíduos por km², Cullen *et al.* 2000). No entanto, nossa estimativa é similar às obtidas em matas contínuas da Amazônia (0,11-0,52 indivíduos por km²; Peres 2000) e do Chaco boliviano (0,07-0,42 indivíduos por km²; Noss *et al.* 2012). Estas estimativas de densidade foram obtidas com diferentes metodologias, o que torna difícil as comparações. No entanto, nossos dados mostram que as localidades de Intervales e Caraguatatuba podem manter

densidades moderadamente altas, principalmente quando existem programas de proteção dentro das Unidades de Manejo para evitar a caça desta espécie. Esta informação é relevante para a conservação das antas na Serra do Mar, por apontar uma densidade média e alta para a manutenção da espécie a longo prazo.

Nossos resultados indicaram uma estrutura genética baixa entre as duas localidades estudadas na Serra do Mar. Estradas com alto volume de tráfego e desenvolvimento antrópico aparentemente agem como barreiras para o fluxo gênico entre as populações de antas. Eventos de dispersão e o resultante fluxo gênico entre as populações de antas são necessários para restaurar e manter a variabilidade genética (Waits 1999). Um mínimo de um e um máximo de 10 migrantes bem sucedidos por geração tem sido sugerido como uma regra geral para manter os níveis da variação genética (Mills & Allendorf 1996). Para manter o fluxo de indivíduos através das estradas que podem representar barreiras para mamíferos de grande porte como as antas tem sido proposta a construção de estruturas especiais como passagens de fauna (Foster & Humphrey 1995). Por exemplo, em Alberta, Canadá, a construção dessas estruturas favoreceu a passagem de mamíferos de grande porte como ursos (*Ursus arctos*), lobos (*Canis lupus*), alces (*Cervus elaphus*) e veados (*Odocoileus* sp) ao longo da rodovia Trans-Canadá (Clevenger & Waltho 2005).

Nós mostramos que dentro da Serra do Mar ainda existe fluxo entre as duas localidades estudadas. Apesar das antas serem capazes de deslocar-se entre diferentes habitats e recolonizar novas áreas, acreditamos que este pode não ser o caso quando o desenvolvimento antropogênico chega ao ponto de bloquear e esgotar os potenciais corredores de dispersão e habitats entre as áreas protegidas. Portanto, reconhecemos a necessidade de manter o fluxo gênico entre áreas protegidas, e consequentemente manter a diversidade genética das populações. Consideramos importante manter os esforços de proteção dentro das diferentes Unidades de Conservação dentro da Serra do Mar para evitar perda de habitat e caça. Também recomendamos que projetos de desenvolvimento dentro das áreas protegidas, sobretudo a construção de rodovias, levem em conta a infra-estrutura especial para a passagem e deslocamento da vida silvestre. Este problema terá que ser abordado por pesquisadores e tomadores de decisões, para contribuir na conservação da vida silvestre no futuro, mantendo a conectividade entre populações.

TABELA 2-4. Estimações de densidades de anta por km² em Biomas do Brasil e no Chaco boliviano.

Bioma	Local	Densidades (indivíduos/ km ²)	Referências e métodos
Amazônia	Amazônia Brasileira	0,11-0,52	Peres (2000), transecção linear diurna
Amazônia	Centro Kayapó de Estudos Ecológicos, Para	0,62	Zimmerman et al. (2001), transecção linear diurna
Amazônia	Estação Ecológica do Maracá, Roraima	3,3-3,7	Mendes-Pontes (2004), transecção linear diurna e noturna
Amazônia	Lago Uauaçu, Amazônia Centro-Oeste	0,23 Terra firme	Haugaasen & Peres (2005), transecção linear diurna
Chaco	Bolivia	0,07-0,42	Noss et al. (2012)
Mata Atlântica	Estação Ecológica Caetetés São Paulo	0,47	Cullen et al. (2000), transecção linear diurna
Mata Atlântica	Fazenda Mosquito São Paulo	0,30	Cullen et al. (2000), transecção linear diurna
Mata Atlântica	Parque Estadual Mata dos Godoy Parana	2,20-2,50	Rocha (2001), observações diretas/área
Mata Atlântica	Parque Estadual Morro do Diabo São Paulo	0,43	Medici (2010), método de identificação de pegadas (FIT)
Mata Atlântica	Parque Estadual Morro do Diabo São Paulo	0,64	Medici (2010), transecção linear noturna
Mata Atlântica	Parque Estadual Morro do Diabo São Paulo	0,34	Medici (2010), rádio-telemetria
Mata Atlântica	Parque Estadual Morro do Diabo São Paulo	0,20-0,41-0,84	Cullen et al. (2000), transecção linear diurna
Mata Atlântica	Caraguatatuba	0,13-0,21	Este estudo, análise genética
Mata Atlântica	Intervales	0,20-0,57	Este estudo, análise genética
Pantanal	Fazenda Acurizal / Rio Paraguai	0,64	Schaller (1983), contagem direta
Pantanal	Fazenda Nhumirim / Nhecolândia	Floresta: 0,40 Cerrado: 0,13	Desbiez (2007) e Desbiez (2009), transecção linear diurna
Pantanal	SESC Pantanal / Barão de Melgaço	0,58 ± 0,11	Trolle et al. (2008), armadilhas fotográficas
Pantanal	SESC Pantanal / Barão de Melgaço	0,30-0,55-1,01	Trolle et al. (2008), transecção linear diurna
Pantanal	SESC Pantanal / Barão de Melgaço	Floresta: 0,71 Áreas abertas: 0,37	Cordeiro (2004), transecção linear diurna

AGRADECIMENTOS

Este projeto tem suporte financeiro da Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de São Paulo - FAPESP (Programa BIOTA, da FAPESP 2007/03392-6). JMR recebeu uma bolsa da Fundação Ford, International Fellowship Program, MG recebe uma bolsa do CNPq.

REFERÊNCIAS

- ALLEN, P.J., W. AMOS, P. POMEROY & S.D. TWISS. 1995. Microsatellite variation in grey seals (*Halichoerus grypus*) shows evidence of genetic differentiation between two British breeding colonies. *Molecular Ecology*, 4:653–662.
- AYALA, G. 2003. Monitoreo de *Tapirus terrestris* en el Izozog (Cerro Cortado) mediante el uso de telemetria como base para un plan de conservación. Tese de Mestrado. Universidade Mayor de San Andres, Santa Cruz, Bolivia.
- BARONGI, A. 1993. Husbandry and conservation of tapirs. *International zoo Yearbok*, 32:7-15.
- BEIER, P. & R. F. NOSS. 1998. Do habitat corridors provide connectivity? *Conservation Biology*, 12:1241–1252.
- BODMER, R. E. 1990. Fruit patch size and frugivory in the lowland tapir (*Tapirus terrestris*). *Journal of Zoology*, 222:121-128.
- BODMER, R. E. 1991a. Influence of digestive morphology on resource partitioning in Amazonian ungulates. *Oecologia*, 85:361-365.
- BODMER, R. E. 1991b. Strategies of seed dispersal and seed predation in amazonian ungulates. *Biotropica*, (23) 3:255-261.
- BROCKETT, C. D. 1998. Land power and poverty: agrarian transformation and political conflict in Central America. Boulder, CA: Westview Press.
- BUENO, R.S., R. GUEVARA, M.C. RIBEIRO, L. CULOT, F.S. BUFALO & M. GALETTI. 2013. Functional redundancy and complementarities of seed dispersal by the last neotropical megafrugivores. *PLoS ONE*, 8(2): e56252.
- BURKEY, T. & D. REED. 2006. The effects of habitat fragmentation on extinction risk: Mechanisms and synthesis Songklanakarin. *Journal of Science and Technology*, 28(1): 9-37.
- CARDOSO, J. & C. CATELETI. 2005. Estado da biodiversidade da Mata Atlântica brasileira, 43-49. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de

Ciências Aplicadas à Biodiversidade.

- CEGELSKI, C., L. WAITS & N. ANDERSON. 2003. Assessing population structure and gene flow in Montana wolverines (*Gulo gulo*) using assignment-based approaches. *Molecular Ecology*, 12:2907–2918
- CHETKIEWICZ, C., C. CASSADY & M. BOYCE. 2006. Corridors for Conservation: Integrating Pattern and Process. *The Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 37:317–342.
- CHIARELLO, A. 1999. Effects of fragmentation of Atlantic Forest on mammal communities in south-eastern Brasil. *Biological Conservation*, 89:71-82.
- CLEVENGER, A. & N. WALTHO. 2005. Performance indices to identify attributes of highway crossing structures facilitating movement of large mammals. *Biological Conservation*, 3:453–464.
- COPPILLO, P., H. GOMEZ, M. MAISELS & R. WALLACE. 2004. Selection criteria for suites of landscape species as a basis for site-based conservation. *Biological Conservation*, 115 (3):419-430.
- CORNUET, J.M. & G. LUIKART. 1997. Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144:2001-2014.
- CULLEN, L., R. BODMER & C. PADUA. 2000. Effects of hunting in habitat fragments of the Atlantic Forests, Brasil. *Biological Conservation*, 95:49-56.
- DEAN, W. 1996. A ferro e fogo: A história e a devastação da Mata Atlântica brasileira. Companhia das Letras. 484 p.
- DIRZO R. & P.H. RAVEN. 2003. Global state of biodiversity and loss. *Annual Review of Environment and Resources*, 28:137–167.
- DIXON, J., M. OLI, M. WOOTEN, T. EATON, J. McCOWN & D. PAETKAU. 2006. Effectiveness of a Regional Corridor in Connecting Two Florida Black Bear Populations. *Conservation Biology*, 20 (1):155–162.
- DIXON, J., K. MADAN, M. WOOTEN, T.H. EASON, W. McCOWN & M.W. CUNNINGHAM. 2007. Genetic consequences of habitat fragmentation and loss: the case of the Florida black bear (*Ursus americanus floridanus*). *Conservation Genetics*, 8:455–464.
- EISENBERG, J. 1997. Introduction. Em: D. Brooks, R. Bodmer & S. Matola (Ed). *Tapirs: Status Survey and Conservation Action Plan*. 5-7- IUCN/SSC Tapir Specialist Group (TSG). IUCN, Gland, Switzerland.
- EARL, D.A. & B. M. VON HOLDT. 2011. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4 (2):359-361.

- ERNEST, H.B., W.M. BOYCE, V.C. BLEICH, B. MAY, S.J. STIVER & S.G. TORRES. 2003. Genetic structure of mountain lion (*Puma concolor*) populations in California. *Conservation Genetics*, 4:353–366.
- EVANO, G., S. REGNAUT & J. GOUDET. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14:2611–2620.
- FRAGOSO, J. 1997. Tapir-generated seed shadows: scale-dependent patchiness in the Amazon rain forest. *Journal of Ecology*, 85:519–529.
- FRAGOSO, J. & J. HUFFMAN. 2000. Seed-dispersal and seedling recruitment patterns by the last Neotropicalmegafauna element in Amazonia, the Tapir. *Journal of Tropical Ecology*, 16:369–385.
- FRAGOSO, J., K. SILVIUS, K. & J. CORREA. 2003. Long-distance seed dispersal by tapirs increases seed survival and aggregates tropical trees. *Ecology*, 84 (8):1998–2006.
- FREITAS, P., D. MARTINS & P. GALETTI Jr. 2008. CID (Clipping vectors, Identifying SSR, Design of primers): a rapid and efficient bioinformatics tool for the detection of simple sequence repeats (SSRs) from genomic libraries. *Molecular Ecology Resources*, 8:107–108.
- FOSTER, M.L. & S. R. HUMPHREY. 1995. Use of highway underpasses by Florida panthers and other wildlife. *Wildlife Society Bulletin*, 23:95–100.
- GALETTI, M., A. KEUROGLHIAN, L. HANADA & M. MORATO. 2001. Frugivory and Seed Dispersal by the Lowland Tapir (*Tapirus terrestris*) in Southeast Brazil. *Biotropica*, 33 (4):723–726.
- GALINDO-LEAL, C. & I. CÂMARA. 2005. Status do hotspot Mata Atlântica: uma síntese, 3–23. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de Ciências Aplicadas à Biodiversidade.
- GERLACH, G. & K. MUSOLF. 2000. Fragmentation of landscape as a cause for genetic subdivision in bank voles. *Conservation Biology*, 14:1066–1074.
- GIOMBINI, M., S. BRAVO & M. MARTÍNEZ. 2009. Seed dispersal of the palm *Syagros romanzoffiana* by Tapirs in the semi-deciduous Atlantic Forest of Argentina. *Biotropica*, 41 (4):408–413.
- GILBERT, F., A. GONZALEZ & I. EVANS-FREKE. 1998. Corridors maintain species richness in the fragmented landscapes of a microecosystem. *Proceedings of the Royal Society London, Series B*, 265:577–582.
- GONZALEZ, A., J. LAWTON, F. GILBERT, T. BLACKBURN & I. EVANS-FREKE. 1998. Metapopulation dynamics, abundance, and distribution in a microecosystem. *Science*, 281:2045–47.

- GONÇALVES DA SILVA, A., D. LALONDE, V. QUSE, A.H. SHOEMAKER, M.A. RUSSELLO. 2010. Genetic approaches refine ex situ lowland tapir (*Tapirus terrestris*) conservation. *Journal of Heredity*, 101(5):581–590
- GOTELLI, D., C. SILLERO-ZUBIRI, J. MARINO, S. M. FUNK & J. WANG. 2012. Genetic structure and patterns of gene flow among populations of the endangered Ethiopian wolf. *Animal Conservation*, 1:14.
- GOODMAN, S. J., H.B. TAMATE, R. WILSON, J. NAGATA, S. TATSUZAWA, G.M. SWANSON, J.M. PEMBERTON & D.R. MCCULLOUGH. 2001. Bottlenecks, drift and differentiation: the population structure and demographic history of sika deer (*Cervus nippon*) in the Japanese archipelago. *Molecular Ecology*, 10:1357–1370.
- GOOSSENS, B., L. CHIKHI, M. ACRENANZ, I. LACKMAN-ANCRENANZ, P. ANDAU & M. BRUFORD. 2006. Genetic Signature of Anthropogenic Population Collapse in Orangutans. *PLoS Biol* 4(2): e25.
- GOUDET, J. 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics *Journal of Heredity*, 86: 485-486.
- GOUDET, J. 1995. FSTAT (version 1.2): a computer program to calculate F-statistics *Journal of Heredity*, 86: 485-486.
- HAMILTON, M., E. PINCUS, A. DI FIORE & R. FLEISCHER. 1999. Universal linker and ligation procedures for construction of genomic DNA libraries enriched for microsatellites. *BioTechniques*, 27:500-507.
- HARRIS, L. D. 1984. The fragmented forest: island biogeography theory and the preservation of biotic diversity. University of Chicago Press, Chicago.
- HELLBORG, L., C.W. WALKER, E.K. RUENESS, J.E. STACY, I. KOJOLA, H. VALDMANN, C. VILA, B. ZIMMERMANN, K.S. JAKOBSEN & H. ELLEGREN. 2002. Differentiation and levels of genetic variation in northern European lynx (*Lynx lynx*) populations revealed by microsatellites and mitochondrial DNA analysis. *Conservation Genetics*, 3:97–111.
- HOCTOR, T. S., M. H. CARR & P. D. ZWICK. 2000. Identifying a linked reserve system using a regional landscape approach: the Florida eco- logical network. *Conservation Biology*, 14:984–1000.
- INSTITUTO FLORESTAL DO ESTADO DE SÃO PAULO-IF. 2006. Plano de Manejo, Parque Estadual da Serra do Mar.
- JORGE, M.L., M. GALETTI, M. RIBEIRO & K.M. FERRAZ. 2013. Mammal defaunation as surrogate of trophic cascades in a biodiversity hotspot. *Biological Conservation*, 163:49–57
- KADMON, R. & O. ALLOUCHE. 2007. Integrating the Effects of Area, Isolation, and Habitat Heterogeneity on Species Diversity: A Unification of Island Biogeography and Niche Theory. *American Naturalist*, 170:443-454.

- KARANTH, K. & J. NICHOLS. 1998. Estimation of tiger densities in India using photographic captures and recaptures. *Ecology*, 79:2852–2862.
- KOCHER, T., W. THOMAS, A. MEYER, S. EDWARDS, S. PAABO, F. VILLABLANCA & A. WILSON. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 86:6196–6200.
- KOENIG, W. D., D. VAN VUREN & P. H. HOOGE. 1996. Detectability, philopatry, and the distribution of dispersal distances in vertebrates. *Trends in Ecology & Evolution*, 11:514–517.
- KYLE, C.J. & C. STROBECK. 2001. Genetic structure of North American wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology*, 10:337–347.
- LARKIN, J. L., D. S. MAEHR, T. S. HOCTOR, M. A. ORLANDO & K. WHITNEY. 2004. Landscape linkages and conservation planning for the black bear in west-central Florida. *Animal Conservation*, 7:1–12.
- LEVEY, J., B. BOLKER, J. TEWKSBURY, S. SARGENT & N. HADDA. 2005. Effects of landscape corridors on seed dispersal by birds. *Science*, 309:146–48.
- MADER, H.J. 1984. Animal habitat isolation by roads and agricultural fields. *Biological Conservation*, 29:81–96.
- MANSFIELD, K.G. & E.D. LAND. 2002. Cryptorchidism in Florida panthers: prevalence, features, and influence of genetic restoration. *Journal of Wildlife Distribution*, 38:693–698.
- MANTOVANI, W. 1993. Estrutura e dinâmica da floresta Atlântica na Juréia, Iguape-SP. Livro Docente Thesis. Universidade de São Paulo, São Paulo.
- MECH, S. & J. HALLETT. 2001. Evaluating the effectiveness of corridors: a genetic approach. *Conservation Biology*, 15:467–74.
- MEDICI, E.P., K. FLESHER, B. DE MELLO BEISIEGEL, A. KEUROGHLIAN, A.L. DESBIEZ, A. GATTI, A. PONTES, C. DE CAMPOS, C. DE TÓFOLI, E.A. MORAES JÚNIOR, F. DE AZEVEDO, G. DE PINHO, J.L. PASSOS CORDEIRO, T. SANTOS, A. DE MORAIS, P.R. MANGINI, L. RODRIGUES & L. BONJORNE DE ALMEIDA. 2012. Avaliação do Risco de Extinção da Anta brasileira *Tapirus terrestris* Linnaeus, 1758, no Brasil. *Biodiversidade Brasileira*, 2(3):103–116.
- MEDICI, E. 2010. Assessing the viability of lowland tapir populations in a fragmented landscape. Tese de Doutorado. Universidade de Kent. Inglaterra. 276 p.
- MILLS, L. S. & F.W. ALLENDORF. 1996. The one-migrant-per-generation rule in conservation and management. *Conservation Biology*, 10:1509–1518.
- NAVEDA, A., B. DE THOISY, C. RICHARD-HANSEN, D. TORRES, L. SALAS, R. WALLACE, S. CHALUKIAN & S. DE BUSTOS. 2008. *Tapirus terrestris*. In: IUCN 2010. IUCN Red

List of Threatened Species. Version 2010.4. <www.iucnredlist.org>. Downloaded on 10 March 2011.

- NEI, M. 1987. Molecular evolutionary genetics. Columbia University Press, New York
- NIEMELA, J. 2001. The utility of movement corridors in forested landscapes. *Scandinavian Journal of Forest Research*, 3:70–78.
- NORRIS, D., J.F. MOREIRA-RAMÍREZ, A. SANCHES & M. GALETTI. Dados não publicados. Different sign generate subtly different potential niches for lowland tapir in continuous Atlantic forest remnants.
- NORTON, J. & M. ASHLEY. 2004. Genetic variability and population structure among wild Baird's tapirs. *Animal Conservation*, 7:211–220.
- NOSS, R. 1987. Corridors in real landscapes: a reply to Simberloff and Cox. *Conservation Biology*, 1:159–64.
- NOSS, A., R. CUELLAR, J. BARRIENTOS, L. MAFFEI, E. CUÉLLAR, R. ARISPE, D. RÚMIZ & K. RIVEIRO. 2003. A camera trapping and radio telemetry study of *Tapirus terrestris* in Bolivian dry forests. *Tapir Conservation*, (12) 1:24-32.
- NOSS, R. F. & L. D. HARRIS. 1986. Nodes, networks, and mums-preserving diversity at all scales. *Environmental Management*, 10:299–309.
- OLMOS, O., R. PARDINI, R. BOULHOSA, R. BÜRGİ & S. MORSELLO. 1999. Do Tapirs Steal Food from Palm Predators or Give Them a Lift? *Biotropica*, (31), 2:375-379.
- PADILLA, M. & R. DOWLER. 1994. *Tapirus terrestris*. *Mammalian species*, 481:1-8.
- PAETKAU, D., W. CALVERT, I. STIRLING & C. STROBECK. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. *Molecular Ecology*, 4:347–354.
- PAETKAU, D., L. WAITS, P. CLARKSON, L. CRAIBGHEAD, E. VYSE, R. WARD & C. STROBRCK. 1998. Variation in genetic diversity across the range of North American brown bears. *Conservation Biology*, 12 (2):418-429.
- PERES, C.A. 2000. Effects of subsistence hunting on vertebrate community structure in Amazonian forests. *Conservation Biology*, 16: 240–253.
- PIRES, A., A. CHIARELLO, S.L. MENDES & E.N. DE MATOS. 2005. Os Corredores Central e da Serra do Mar na Mata Atlântica brasileira, 119-132. Em: Galindo-Leal, C. & I. Câmara (ed.). *Mata Atlântica biodiversidade, ameaças e perspectivas*. Fundação SOS Mata Atlântica, Conservação Internacional, Centro de Ciências Aplicadas à Biodiversidade.
- PRITCHARD, J. K., M. STEPHENS & P. DONNELLY. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945– 959.
- PROCTOR, M., B. MCLELLAN, C. STROBECK & R. BARCLAY. 2005. Genetic analysis reveals

- demographic fragmentation of grizzly bears yielding vulnerably small populations. *Proceedings Royal Society B*, 272, 2409–2416.
- PUTH, L. & K. WILSON. 2001. Boundaries and corridors as a continuum of ecological flow control: lessons from rivers and streams. *Conservation Biology*, 15:21–30.
- QUANTUM GIS DEVELOPMENT TEAM. 2012. Quantum GIS Geographic Information System. Open Source Geospatial Foundation Project. <http://qgis.osgeo.org>
- RABINOWITZ, A. & K. A. ZELLER. 2010. A range-wide model of landscape connectivity and conservation for the jaguar, *Panthera onca*. *Biological Conservation*, 143:949–955.
- RAYMOND, M. & F. ROUSSET. 1995. GENEPOP (version 1.2): A population genetic software for exact test and ecumenism. *Journal of Heredity*, 86:248–249.
- REXSTAD, E. & K. BURNHAM. 1991. User's guide for interactive program CAPTURE: abundance estimation of closed animal populations. Colorado State University, Fort Collins, Colorado, USA.
- RIBEIRO, M. C., J. METZGER, A. MARTENSEN, F. PONZONI & M. HIROTA. 2009. The Brazilian Atlantic Forest: How much is left, and how is the remaining forest distributed? Implications for conservation. *Biological Conservation*, 142 (6):1141–1153.
- RICE, W. R. 1989. Analyzing tables of statistical tests. *Evolution*, 43:223–225.
- ROSENBERG, D. K., B. R. NOON & E. C. MESLOW. 1997. Biological corridors: form, function, and efficacy. *BioScience*, 47:677–687.
- SANCHES, A., M. FIGUEIREDO, T. HATANAKA, F. PAULA, L. SILVEIRA, A. JACOMO & P. GALETTI. 2009. Microsatellite loci isolated from the lowland tapir (*Tapirus terrestris*), one of the largest Neotropical mammal. *Conservation Genetics Resources*, 1:115–117.
- SANCHES, A., W. PEREZ, M. FIGUEIREDO, B. ROSSINI, M. CERVINI, P. GALETTI JR & P. GALETTI. 2011. Wildlife forensic DNA and lowland tapir (*Tapirus terrestris*) poaching. *Conservation Genetics Resources*, 3:189–193.
- SAMBROOK, J., E. FRITSCH & T. MANIATIS. 1989. Molecular cloning. A laboratory manual. Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY.
- SAUNDERS, D., R. HOOPS & C. MARGULES. 1991. Biological Consequences of Ecosystem Fragmentation: A Review. *Conservation Biology*, 5 (1):18–32.
- SCHWARTZ, M.K., L.S. MILLS, K.S. MCKELVEY, L.F. RUGGIERO & F.W. ALLENDORF. 2002. DNA reveals high dispersal synchronizing the population dynamics of Canada lynx. *Nature*, 415:520–522.
- SCHUELKE, M. 2000. An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology*, 18:233–234.

- SIMBERLOFF, D., J. A. FARR, J. COX & D. W. MEHLMAN. 1992. Movement corridors—conservation bargains or poor investments. *Conservation Biology*, 6:493–504.
- TÓFOLI, C. 2006. Frugivoria e dispersão de sementes por *Tapirus terrestris* (Linnaeus 1758) na paisagem fragmentada do Pontal do Paranapanema, São Paulo. Tese de Mestrado, Universidade de São Paulo.
- TROLLE, M., A. NOSS, J. PASSOS & L. FLAMARION. 2008. Brazilian tapir density in the Pantanal: A comparison of systematic camera-trapping and line-transect surveys. *Biotropica*, 40 (2):211-217.
- TABER, A., S. C. CHALUKIAN, M. ALTRICHTER, K. MINKOWSKI, L. LIZÁRRAGA, E. SANDERSON, D. RUMIZ, E. VENTINCINQUE, E. AMORIM MORAES Jr, C. de ANGELO, M. ANTÚNEZ, G. AYALA, H. BECK, R. BODMER, S. BOHER B., J. L. CARTES, S. de BUSTOS, D. EATON, L. EMMONS, N. ESTRADA, L. FLAMARION de OLIVEIRA, J. FRAGOSO, R. GARCIA, C. GOMEZ, H. GOMEZ, A. KEUROGHLIAN, K. LEDESMA, D. LIZCANO, C. LOZANO, O. MONTENEGRO, N. NERIS, A. NOSS, J. A. PALACIO VIEIRA, A. PAVIOLO, P. PEROVIC, H. PORTILLO, J. RADACHOWSKY, R. REYNA-HURTADO, J. R. ORTIZ, L. SALAS, A. SARMIENTO DUENAS, J. A. SARRIA PEREA, K. SCHIAFFINO, B. de THOISY, M. TOBLER, V. UTRERAS, D. VARELA, R. B. WALLACE & G. ZAPATA RIOS. 2008. El Destino de los Arquitectos de los Bosques Neotropicales: Evaluación de la Distribución y el Estado de Conservación de los Pecaríes Labiados y los Tapires de Tierras Bajas. Grupo Especialista de la CSE/ UICN en Cerdos, Pecaríes y Hipopótamos; Grupo Especialista de la CSE/UICN en Tapires; Wildlife Conservation Society; y Wildlife Trust. New York, NY, USA. Xxvi + 181 pp.
- TERBORGH, J. 1990. Seed and fruit dispersal - Commentary. In: K. S. Bawa & M. Hadley (ed). *Reproductive Ecology of Tropical Forest Plants*. Paris: The Patheron Publishing Group, 181 – 190.
- VALIERE, N. 2002. GIMLET: a computer program for analyzing genetic individual identification data. *Molecular Ecology Notes*, 2: 377-379.
- VOS C.C., A.G. ANTONISSE-DE JONG, P.W. GOEDHART & M.J.M. SMULDERS. 2001. Genetic similarity as a measure for connectivity between fragmented populations of the moor frog (*Rana arvalis*). *Heredity*, 86:598–608.
- WAITS, L. 1999. Molecular genetic applications for bear research. *Ursus*, 11:253-260.
- WAITS, L.P., G. LUIKART & P. TABERLET. 2001. Estimating the probability of identity among genotypes in natural populations: cautions and guidelines. *Molecular Ecology*, 10: 249-256.
- WAITS, L. & PAETKAU, D. 2005. Noninvasive genetics sampling tools for wildlife biologists: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *Journal of Wildlife Management*, 69(4):1419-1433.
- WALKER, C.W., C. VILA, A. LANDA, M. LINDEN & H. ELLEGREN. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology* 10:53–63.

- WEIR, B.S. & C.C. COCKERHAM. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38:1358-1370.
- WHITE, G.C., D.R. ANDERSON, K.P. BURNHAM & D.L. OTIS. 1982. Capture-recapture and removal methods for sampling closed populations. Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, USA.
- WHITEHOUSE, A. M. & E. H. HARLEY. 2001. Post-bottleneck genetic diversity of elephant populations in South Africa, revealed using microsatellite analysis. *Molecular Ecology*, 10:2139–2149.
- ZELLER, K., S. NIJHAWAN, R. SALOM-PEREZ, S. POTOSME & J. HINES. 2011. Integrating occupancy modeling and interview data for corridor identification: A case study for jaguars in Nicaragua. *Biological Conservation*, 144:892-901.

APÊNDICE

Apêndice 1. Indivíduos identificados para Intervalles e Caraguatatuba com base na utilização de cinco *loci* de microssatélites.

Intervalles					
Indivíduo	Tter3	Tter5	Tter9	Tter10	Tter18
I01	192192	126126	ND	ND	142142
I02	192192	126126	216216	ND	128136
I07	180180	138138	216216	ND	138142
I08	168168	138138	ND	ND	138138
I09	177177	128128	196204	ND	148148
I10	183183	136136	212212	ND	128128
I12	192192	138138	ND	ND	128130
I15	189189	138138	ND	ND	148148
I23	177177	134134	196204	ND	136136
I27	189189	128130	ND	ND	128128
I30	177177	142142	ND	228228	ND
I33	190192	140140	180192	242242	ND
I34	190192	134142	ND	ND	126128
I36	195195	134134	ND	ND	148148
I44	189189	126126	ND	230230	ND
I46	192192	128130	ND	234234	ND
Caraguatatuba					
Indivíduo	Tter3	Tter5	Tter9	Tter10	Tter18
C01	ND	128130	204204	228228	136136
C02	181185	128130	180192	ND	ND
C03	180180	134134	ND	226230	130130
C04	162162	124128	180180	234234	140140
C06	ND	138138	204204	232232	ND

C07	181185	126128	180180	226226	148148
C10	166166	158158	180180	ND	ND
C11	177181	128128	ND	ND	136136
C12	ND	126126	180180	ND	138138
C13	181181	128128	180192	ND	136136
C14	180180	128128	ND	ND	132136
C15	176176	134134	ND	ND	134134
C16	192192	126130	ND	ND	134134
C28	176176	134134	180180	ND	148148
C34	181181	126126	204204	ND	ND
C37	192192	158158	216216	ND	ND
C38	192192	128128	ND	ND	132132
C39	189189	128128	ND	ND	148148
C41	185185	124124	ND	ND	128128
C45	177185	126126	216216	ND	ND
C49	162162	122122	180180	ND	ND
C56	162162	126126	184184	ND	ND
C64	189189	126126	188188	ND	ND

ND: Sem dados