

VOLUME 5 | Nº 1-2 | DEZEMBRO 2009



MEGADIVERSIDADE



**Os desafios científicos
para a conservação da
biodiversidade no Brasil**

Editor Geral
José Maria Cardoso da Silva

Editor Convidado
José Alexandre Felizola Diniz-Filho

Editores Assistentes
Adriano Paglia
Mônica Fonseca

Editores Associados
Fábio Rubio Scarano
Guilherme Fraga Dutra
Luiz Paulo Pinto
Patrícia Baião
Paulo Gustavo Prado

Coordenação de Edição e Produção
Isabela Santos

Conselho Editorial
Ana Rodrigues
Angelo Machado
Anthony Rylands
Claude Gascon
Francisco Barbosa
Gustavo Fonseca
Ima Célia Vieira
Katrina Brandon
Keith Alger
Marcelo Tabarelli
Roberto Cavalcanti
Russell Mittermeier
Thomas Lewinsohn
Thomas Lacher

Conservação Internacional
Av. Getúlio Vargas 1300 – 7º andar
30112-021 Belo Horizonte – MG
Tel.: 55 31 3261-3889
e-mail: info@conservacao.org
www.conservacao.org



A Conservação Internacional é uma organização privada sem fins lucrativos, fundada em 1987, com o objetivo de promover o bem-estar humano fortalecendo a sociedade no cuidado responsável e sustentável para com a natureza – nossa biodiversidade global – amparada em uma base sólida de ciência, parcerias e experiências de campo.

Volume 5 | Nº 1-2 | Dezembro 2009

Fotos da capa, da esquerda para a direita: (1) Daniel Ferraz, (2) Sterling Zumbrunn, (3) Enrico Bernard, (4) Haroldo Palo Jr; Foto maior: Enrico Bernard
Projeto e edição gráfica: Grupo de Design Gráfico Ltda
Tiragem: 1.000 exemplares

MEGADIVERSIDADE

Volume 5 | Nº 1-2 | Dezembro 2009

Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil

SUMÁRIO

- 3 Apresentação**
JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO, JOSÉ MARIA CARDOSO DA SILVA & ADRIANO PAGLIA
- 5 Padrões e processos ecológicos e evolutivos em escala regional**
JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO, LEVI CARINA TERRIBILE, GUILHERME DE OLIVEIRA & THIAGO FERNANDO L.V.B. RANGEL
- 17 Mudanças climáticas e seus efeitos sobre a biodiversidade: um panorama sobre as atividades de pesquisa**
TADEU SIQUEIRA, ANDRÉ ANDRIAN PADIAL & LUIS MAURICIO BINI
- 27 Diferentes abordagens para a seleção de prioridades de conservação em um contexto macrogeográfico**
RAFAEL D. LOYOLA & THOMAS M. LEWINSOHN
- 43 Desafios para a identificação de áreas para conservação da biodiversidade**
CRISTIANO NOGUEIRA, PAULA H. VALDUJO, ADRIANA PAESE, MÁRIO BARROSO RAMOS NETO & RICARDO BOMFIM MACHADO
- 54 Integrando padrões e processos para planejar sistemas regionais de unidades de conservação**
RICARDO BOMFIM MACHADO, MÁRIO BARROSO RAMOS NETO, SANDRO MENEZES SILVA, GEORGE CAMARGO, ELAINE PINTO, RAFAEL LUIS FONSECA, CRISTIANO NOGUEIRA & ANA PIMENTA RIBEIRO
- 65 Como determinar a distribuição potencial de espécies sob uma abordagem conservacionista?**
PAULO DE MARCO JÚNIOR & MARINEZ FERREIRA DE SIQUEIRA
- 77 Padrões de endemismos e a conservação da biodiversidade**
CLAUDIO JOSÉ BARROS DE CARVALHO
- 87 Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação**
ALEXANDRE ALEIXO
- 96 Filogeografia e a descrição da diversidade genética da fauna brasileira**
CRISTINA YUMI MIYAKI
- 101 Estruturação genética na escala de paisagem**
MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES & ROGÉRIO PEREIRA BASTOS

APRESENTAÇÃO

A complexidade dos sistemas biológicos é reconhecida há muito tempo pelos cientistas. Durante décadas, ao longo dos séculos 19 e 20, os biólogos passaram a compreender cada vez melhor essa complexidade, descrevendo os padrões que originam a diversidade biológica desde os níveis genético-moleculares mais básicos até as associações em escalas amplas que permitem reconhecer ecossistemas e biomas. Além disso, passou-se a compreender melhor que essa complexidade está estruturada geograficamente de diferentes formas e, o mais importante, que ela evolui ao longo de grandes escalas de tempo.

A evolução da própria espécie humana passou a ser, por si só, um fator extremamente relevante na estruturação dos sistemas biológicos, em função do grande impacto do *Homo sapiens* sobre as demais espécies do planeta. Esses impactos têm crescido enormemente devido à uma utilização cada vez maior dos recursos naturais, causando uma perda cada vez mais acentuada da diversidade biológica em diferentes níveis. Assim, devido à sua inerente complexidade e à dificuldade em se estabelecer pontos de equilíbrio entre desenvolvimento humano e conservação (ou idealmente demonstrar a associação intrínseca existente entre conservação e desenvolvimento), está claro que conservar a biodiversidade é uma das tarefas mais árduas e um dos maiores desafios do século 21.

Com esses aspectos em mente, apresentamos o sexto número da Megadiversidade, resultado do simpósio intitulado “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil”, organizado como parte do XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia, que ocorreu em Curitiba, Paraná, em fevereiro de 2008. O objetivo desse encontro foi discutir visões alternativas sobre biodiversidade, mensurada em diferentes níveis hierárquicos, avaliar as dificuldades de obtenção e organização das informações científicas relevantes e mostrar como a utilização de novas ferramentas analíticas pode auxiliar a conservar a biodiversidade de forma mais eficiente.

Uma avaliação em escalas continentais e globais permite encontrar um dos poucos padrões gerais de diversidade de espécies, os gradientes latitudinais de diversidade. Embora esse padrão tenha sido descrito nos séculos 18 e 19, ainda hoje os processos

envolvidos são bastante discutidos. Esses padrões são originados por um balanço entre processos ecológicos e evolutivos, sendo que o componente histórico fica ainda mais claro quando são analisados padrões de endemismo. Por outro lado, os efeitos ambientais também têm sido considerados fatores importantes na estruturação da riqueza de espécies, o que leva à uma preocupação crescente com as mudanças climáticas causadas por efeitos antrópicos e que irão afetar os padrões de diversidade em grandes escalas.

Uma vez que padrões de diversidade e de processos ecológicos ou evolutivos envolvidos na sua origem e manutenção são estabelecidos, é preciso definir estratégias de utilização desses dados a fim de estabelecer prioridades de conservação. Durante muito tempo, essas definições foram feitas de modo arbitrário e baseadas apenas na opinião de especialistas, ou enfatizando componentes locais de conhecimento (como, por exemplo, a presença de uma espécie ameaçada) ou ainda oportunidades práticas para conservação. Embora esses fatores ainda sejam importantes, é possível agora avaliá-los de forma quantitativa e construir cenários ótimos para a conservação. Além disso, a variação genética dentro das espécies também merece ser analisada, tanto no sentido de revelar as unidades evolutivas e melhor caracterizar as espécies quanto no sentido de verificar como a estrutura genética populacional pode ser afetada por processos de ocupação humana em escala regional.

Todos esses tópicos são abordados nos artigos contidos neste volume. Assim, embora o simpósio realizado no XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia em 2008 não tenha coberto todas as possibilidades para investigar as questões sobre como utilizar o conhecimento científico sobre biodiversidade e conservação no Brasil, podemos considerá-lo como um esforço inicial no sentido de colocar, sob um mesmo fórum, um conjunto de cientistas e tomadores de decisão com experiências diversas, trabalhando em diferentes grupos taxonômicos, com um objetivo comum. E, o mais importante, esperamos que o presente volume da Megadiversidade possa gerar mais trabalhos que refinem o conhecimento apresentado aqui.

José Alexandre Felizola Diniz-Filho – UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

José Maria Cardoso da Silva – CONSERVAÇÃO INTERNACIONAL

Adriano Paglia – CONSERVAÇÃO INTERNACIONAL

Padrões e processos ecológicos e evolutivos em escala regional

JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO¹ *
LEVI CARINA TERRIBILE²
GUILHERME DE OLIVEIRA³
THIAGO FERNANDO L.V.B. RANGEL⁴

¹ Departamento de Biologia Geral, ICB, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

² Laboratório de Macroecologia, Universidade Federal de Goiás, Campus Jataí, Jataí, Brasil.

³ Programa de Pós-Graduação em Ecologia & Evolução, ICB, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

⁴ Department of Ecology and Evolutionary Biology, University of Connecticut, Storrs, USA.

* e-mail: jafdinizfilho@gmail.com

RESUMO

Ao longo de pelo menos 200 anos, ecólogos e biogeógrafos têm se empenhado na tentativa de entender os processos envolvidos na geração e manutenção do padrão atual de distribuição da biodiversidade. Com o objetivo de apresentar uma visão geral dos avanços nessas linhas de pesquisa, o presente trabalho traz uma síntese das principais hipóteses ecológicas e evolutivas existentes para explicar esses padrões e ilustra como elas podem ser integradas para explicá-los. Como exemplo, apresentamos uma análise do gradiente de riqueza de espécies de serpentes Elapidae do Novo Mundo. Nossos resultados revelaram que processos puramente ecológicos não são suficientes para explicar o padrão de riqueza, embora cerca de 70% da variação espacial na riqueza de espécies seja explicada por variáveis ambientais. Uma análise dos padrões de riqueza estruturados na filogenia, bem como simulações de processos de conservação de nicho, mostram que fatores históricos devem ser utilizados para explicar esses padrões. Finalmente, apresentamos quais as consequências dos padrões de riqueza observados na conservação das espécies e como estratégias de preservação podem ser geradas a partir dos modelos ecológicos e evolutivos discutidos.

ABSTRACT

During the last 200 years, ecologists and biogeographers have hardly attempted to find out which processes are implicated on the generation and maintenance of the broad scale biodiversity gradients. Here we address the main hypotheses concerning diversity patterns and highlight how ecological and evolutionary models can be integrated to explain these patterns. To illustrate this perspective, we analyzed the gradient in species richness of New World coral snakes (Elapidae: Serpentes) and interpreted the outputs under alternative integrated models. Our results show that ecological processes alone are not sufficient to account for the richness pattern in this group, although about 70% of the spatial variation in species richness can be explained by environmental drivers. The analysis

of phylogenetically-structured richness patterns, as well as simulations of niche conservatism process, reveals that evolutionary factors must be used to understand these patterns. Finally, we present the implication of these patterns for biodiversity conservation and suggest how the observed patterns can be used in systematic conservation planning.

INTRODUÇÃO

Padrões de diversidade em grandes escalas, notadamente os chamados “gradientes latitudinais” de riqueza de espécies (i.e., maior riqueza nos trópicos do que nas regiões temperadas), têm sido discutidos na literatura ecológica e biogeográfica principalmente a partir do início do século XIX, quando Alexander von Humboldt (1769-1859) propôs os primeiros modelos mecanísticos para explicar esse padrão (Hawkins, 2001). Ao longo desses 200 anos, o interesse pelos padrões de diversidade em grande escala passou por uma série de fases distintas mas, de um modo geral, a carência de dados e a existência de problemas teóricos e metodológicos dificultavam o estabelecimento de previsões gerais para o grande número de hipóteses alternativas desenvolvidas para explicar esses padrões (Dobzhansky, 1950; Hutchinson, 1959; Pianka, 1966; MacArthur, 1972; Currie, 1991; Rohde, 1992). O surgimento da macroecologia no início dos anos 90 (Brown & Maurer, 1989; Brown, 1995; Gaston & Blackburn 2000) reacendeu o interesse dos ecólogos pelos padrões em grandes escalas, apoiados principalmente por dois aspectos: 1) maior disponibilidade de dados ecológicos (mapas de distribuição geográfica das espécies), evolutivos (estabelecimento de filogenias mais robustas e completas) e ambientais (principalmente provenientes de sensoriamento remoto e modelos climáticos gerais) em grandes escalas geográficas, e; 2) crescente ênfase em modelos teóricos que permitissem diferenciar os mecanismos propostos para explicar esses padrões, desenvolvimento este associado a um aumento da capacidade computacional de processar e analisar dados (Hawkins, 2004).

Mais recentemente, Whittaker *et al.* (2001) e Rahbek & Graves (2001) adotaram uma noção mais pragmática e operacional, na qual os gradientes de diversidade são analisados com o objetivo principal de avaliar um número menor de hipóteses, porém mais testáveis, menos redundantes e menos baseadas em raciocínios circulares ou *ad hoc*. Essas hipóteses incluíam os efeitos da energia, produtividade, heterogeneidade ambiental, história evolutiva e efeitos puramente estocásticos sobre a forma das distribuições geográficas das espécies (efeito do

domínio médio ou *mid-domain effect*) (ver Willig *et al.*, 2003 para uma revisão recente), como possíveis causas dos padrões de diversidade. Estudos utilizando procedimentos meta-analíticos demonstraram que, dentre essas várias hipóteses, os efeitos climáticos, notadamente a influência de um balanço entre a disponibilidade de energia e água, explicariam de modo bastante satisfatório os padrões de diversidade em grandes escalas (e.g., Hawkins *et al.*, 2003; Currie *et al.*, 2004).

Entretanto, há uma série de dificuldades teóricas em associar, de forma direta ou indireta, esses padrões climáticos e os diferentes componentes da diversidade biológica em um contexto puramente ecológico (ver Currie *et al.*, 2004). Deste modo, os efeitos históricos devem ser consideravelmente importantes para explicar os mecanismos associados a esses gradientes, embora ainda não exista um consenso sobre como esses efeitos poderiam interagir com componentes ecológicos atuais a fim de gerar os padrões observados (Ricklefs, 2004, 2006). Na realidade, a própria falta de uma definição geral para efeitos históricos (ver a seguir) tem se tornado um problema, já que diferentes estudos têm se referido a processos muito distintos quando mencionam o termo ‘efeitos históricos’. Torna-se necessário, portanto, o desenvolvimento de um arcabouço teórico que permita integrar os diferentes modelos existentes atualmente para explicar os gradientes de diversidade e, conseqüentemente, compreender como surgem correlações elevadas entre padrões de diversidade e clima atual sob processos históricos atuando em diferentes escalas de tempo e espaço.

Além do interesse teórico, é preciso ainda considerar que a aceitação crescente por parte da comunidade científica e da sociedade em geral da enorme influência do Homem sobre a diversidade biológica gerou uma maior demanda pela compreensão desses padrões de diversidade e dos processos ecológicos e evolutivos subjacentes a eles. Recentemente tornou-se mais claro que um conhecimento efetivo dos padrões de diversidade em grandes escalas e dos processos envolvidos em sua origem e manutenção é vital para estabelecer programas mais eficientes de conservação da biodiversidade (e.g., Whittaker *et al.*, 2005).

Assim, neste artigo procuramos apresentar um arcabouço teórico geral que nos permita entender como padrões ecológicos e históricos podem ser integrados no sentido de explicar os gradientes de diversidade. Para tal, estabelecemos uma versão conceitual unificada dos principais modelos ecológicos e evolutivos que têm sido utilizados para explicar padrões de diversidade em grandes escalas desde o século XVIII. Para exemplificar, apresentamos uma série de análises dos padrões de riqueza de Elapidae (Serpentes) na região Neotropical e discutimos as implicações desses padrões para conservação.

MODELOS ECOLÓGICOS E EVOLUTIVOS DE DIVERSIFICAÇÃO

De modo geral, as diversas hipóteses desenvolvidas para explicar os gradientes de riqueza de espécies ao longo dos últimos 200 anos podem ser agrupadas em dois grandes modelos conceituais: modelos ecológicos e modelos evolutivos. Sem dúvida, esses modelos não são mutuamente exclusivos e diversas tentativas de colocá-los em um mesmo contexto foram realizadas recentemente (Wiens & Donoghue, 2004; Hawkins *et al.*, 2005, 2006, 2007; Jablonsky *et al.* 2006; Roy & Goldberg, 2007; Wiens *et al.*, 2007).

Os modelos ecológicos, em um sentido estrito, partem do pressuposto que os padrões observados são consequência direta (ou indireta) da influência do clima sobre as distribuições geográficas das espécies, independente de processos de longa duração como especiação e extinção em escala regional, e desse modo resultaria em um acúmulo de espécies em climas mais propícios, que seriam, por sua vez, ambientes mais quentes e úmidos (Figura 1). Essas distribuições estariam, portanto, em 'equilíbrio' com o clima (Araújo & Pearson, 2005), de modo que processos estocásticos de dispersão e efeitos de barreiras seriam relativamente pouco importantes para determinar a ocorrência das espécies. As hipóteses ecológicas ganharam força principalmente em função de uma série de meta-análises que mostraram correlações bastante elevadas entre gradientes ambientais e gradientes de riqueza, principalmente ligados à disponibilidade de água e energia (e.g., Hawkins *et al.*, 2003a). Há, entretanto, uma série de problemas em ligar diretamente variações na riqueza a componentes climáticos, principalmente porque as explicações com base na produtividade dos ecossistemas ou em ativação metabólica (Allen *et al.*, 2002; Hawkins *et al.*, 2003b) explicariam melhor as variações na abundância, e não diretamente as variações na riqueza. Modelos neutros de diversificação (sensu Hubbell, 2001) ou puramente

estatísticos (ligados à efeitos de amostragem) são, de qualquer modo, necessários para associar a variação na abundância à variação na riqueza (Currie *et al.*, 2004). Porém, é biologicamente mais plausível que mecanismos evolutivos forneçam uma explicação mais parcimoniosa para essa ligação.

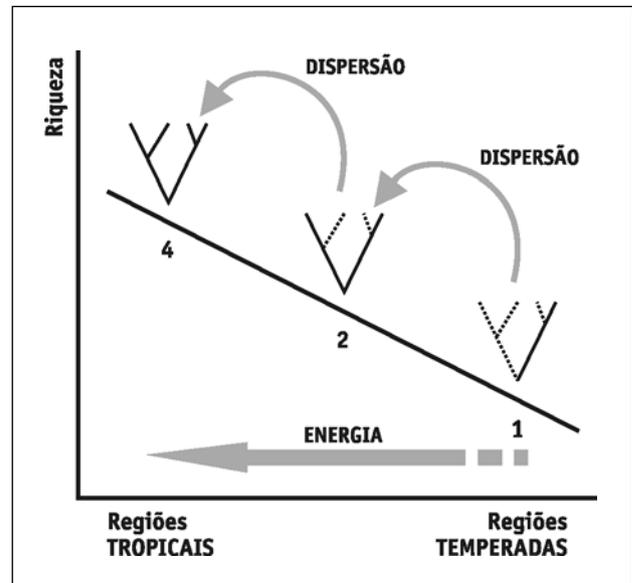


FIGURA 1 – Gradiente de riqueza sob um processo puramente ecológico, com taxas de diversificação constantes nas regiões tropicais e temperadas, mas no qual a maior riqueza tropical surgiria por dispersão para regiões tropicais mais favoráveis em termos de disponibilidade de energia.

Sob um ponto de vista teórico, é possível argumentar que o número de espécies em um sistema ecológico qualquer é, em última instância, função de um processo evolutivo de diversificação, que poderia ser modelado de forma bastante simples por um modelo análogo ao crescimento populacional Malthusiano (Maurer, 1999; mas ver Jablonsky *et al.*, 2006 e Roy & Goldberg, 2007 para modelos mais complexos), no qual $S = S_0 e^{rt}$, onde S é o número de espécies, S_0 é o número inicial de espécies e r é a taxa de diversificação, dada pela diferença entre especiação (b) e extinção (d). Com base nesse modelo simples, é possível argumentar que diferenças na riqueza de espécies entre sistemas ecológicos temperados e tropicais poderiam aparecer por diferentes valores nas taxas de diversificação r (chamado aqui de modelo I, ou de variação geográfica nas taxas de diversificação) ou por diferentes valores de S_0 (modelo II, referente à variação nas condições iniciais, ou riqueza inicial) (Mittelbach *et al.*, 2007) (Figura 2). Assim, em um primeiro momento, as explicações evolutivas para os gradientes de diversidade poderiam ser diferenciadas nesses dois grupos.

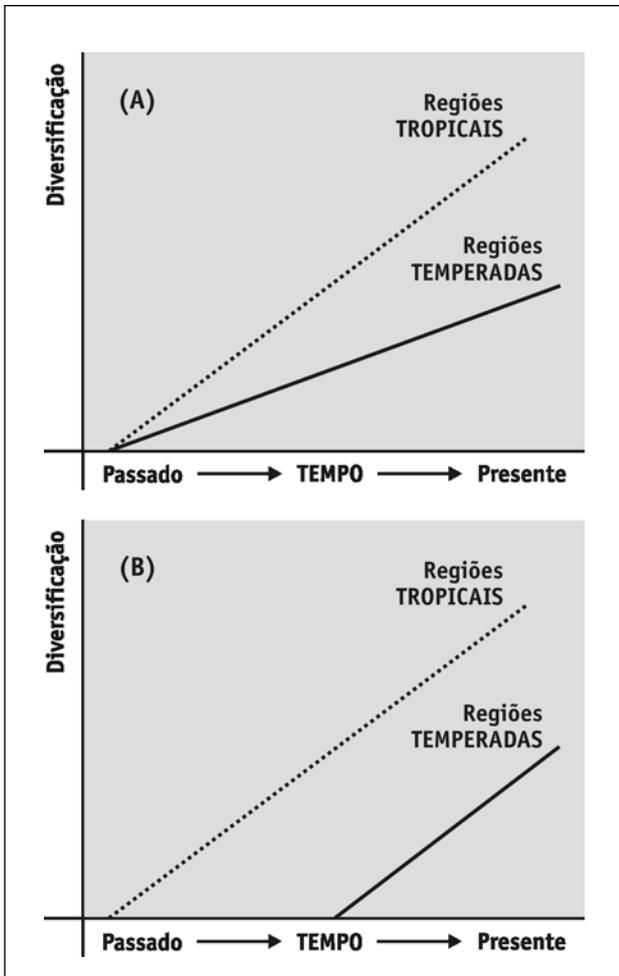


FIGURA 2 – Modelos históricos para os gradientes de diversidade, baseados em variações nas taxas de diversificação (maior taxa de diversificação nas regiões tropicais em função de maior disponibilidade energética, A) ou nas condições iniciais (os trópicos seriam mais antigos e teriam tido mais tempo para acumular espécies, B). O número de espécies aumentando com o tempo (diversificação) está expresso em escala logarítmica, ajustando-se ao modelo $S = S_0 e^{ct}$.

O modelo I parte do princípio de que, sob ambientes relativamente estáveis ao longo do tempo evolutivo, as taxas de diversificação estariam geograficamente estruturadas ao longo de um gradiente ambiental, como por exemplo, uma variação espacial na disponibilidade de água e energia (Figura 3). Em regiões mais produtivas ou com maior disponibilidade de energia, o processo de diversificação seria mais rápido e geraria acúmulo de espécies. Entretanto, como as taxas de diversificação podem ser decompostas em dois componentes (especiação e extinção), os vários mecanismos previamente propostos para explicar os fatores históricos nos gradientes de diversidade podem ser facilmente incorporados a esse modelo geral.

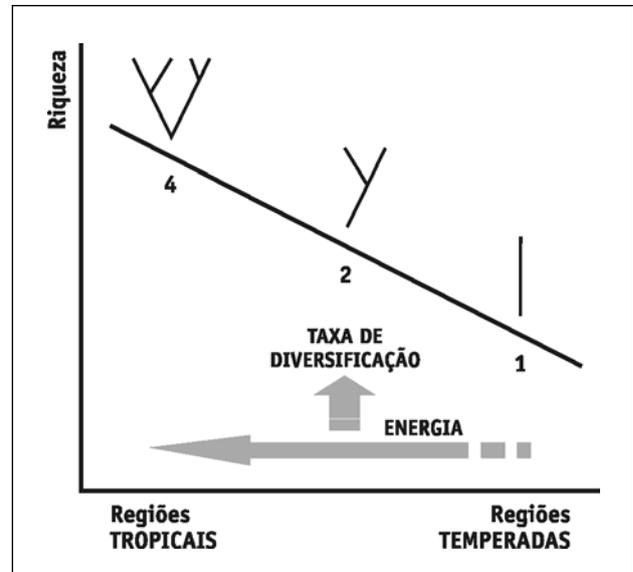


FIGURA 3 – Gradiente de riqueza gerado por variações espacialmente estruturadas na taxa de diversificação (modelo I, ver texto).

Taxas de especiação elevadas nas regiões tropicais poderiam aparecer sob diferentes combinações de especiação e extinção (Figura 4). Pode-se pensar, por exemplo, que a extinção seria constante ao longo do gradiente, mas que nas regiões tropicais haveria uma maior velocidade de especiação como consequência de um aumento nas taxas de mutação (devido à maior irradiação), ou que haveria maior especialização ecológica (aumentando a necessidade de adaptação a condições ecológicas locais e gerando assim maior isolamento reprodutivo) (Figura 4A). Por outro lado, é possível pensar que a especiação se mantém constante, mas que a extinção é maior nas regiões temperadas, em função da maior instabilidade climática dessas regiões (Figura 4B). Esse efeito, na verdade, seria esperado sob uma associação entre a média e a variância do clima nas regiões temperadas. Por fim, é possível combinar esses dois cenários (Figura 4C), mas Weir & Schluter (2007) analisaram padrões de diversificação em mamíferos e aves e mostraram que, nas regiões temperadas, haveria não só maiores taxas de extinção (provavelmente devido à instabilidade climática), mas também maiores taxas de especiação (gerando maior “turnover” de espécies). Os efeitos de variação geográfica nas taxas de extinção, entretanto, seriam mais fortes do que os efeitos nas taxas de especiação, gerando assim um padrão semelhante ao apresentado na Figura 4B. Entretanto, é difícil estimar taxas de especiação e extinção em um contexto geográfico explícito, de modo que a evidência da estrutura geográfica nessas taxas é obtida, de modo geral, apenas pelo contraste entre táxons que se diversificaram primariamente em regiões tropicais ou temperadas.

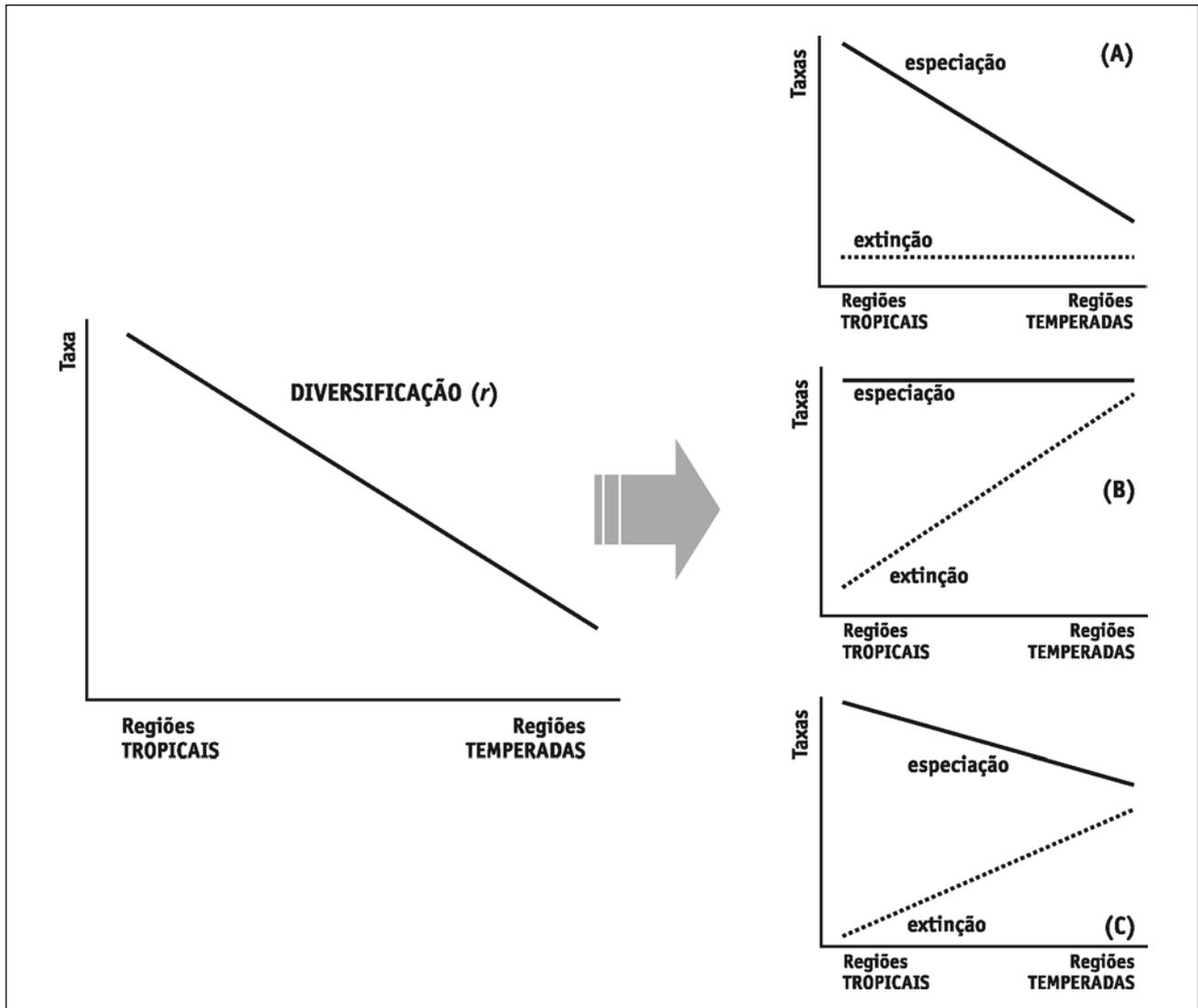


FIGURA 4 – Sob um modelo evolutivo (histórico) do tipo I, a maior diversidade nas regiões tropicais seria causada por uma maior taxa de diversificação, mas esta poderia ser obtida por diferentes combinações de padrões geográficos nas taxas de extinção e especiação.

Independente das combinações possíveis de especiação e extinção ao longo do espaço geográfico, é interessante pensar que, sob o modelo I, correlações entre clima e riqueza são esperadas, já que o número de espécies é, indiretamente, função do clima (atuando sob as taxas de diversificação). Mesmo que o modelo apresentado acima se torne mais complexo e admita, de forma mais realista, que existam variações no clima ao longo do tempo evolutivo, essas variações estariam também estruturadas no espaço geográfico. Deste modo, seria possível definir que efeitos históricos seriam, na verdade, efeitos da história do próprio clima, já que este determinaria as estruturações nas taxas de especiação e/ou extinção.

No modelo II, por outro lado, haveria apenas uma variação nas condições iniciais, representadas por

variações em S_0 . Na verdade, essa é uma das hipóteses históricas “clássicas”, representada pela idéia geral da antiguidade dos trópicos. Recentemente esse modelo foi reinterpretado em um contexto mais macroecológico, a partir da idéia do balanço entre conservação e evolução do nicho ecológico das espécies (Wiens & Donoghue, 2004). Esse modelo parte do princípio de que o padrão de resfriamento das regiões mais temperadas ao norte, iniciado há mais de 30 milhões de anos, causou uma retração das distribuições geográficas das espécies e ocorrência de processos mais fortes de extinção em escala regional. As espécies que permaneceram estariam, portanto, adaptadas a um ambiente tropical e assim continuariam seu processo de diversificação, e como os nichos tendem a se conservar no tempo evolutivo, essas regiões tropicais teriam acumulado mais

espécies. Posterior e gradativamente, essas espécies começaram a evoluir para nichos distintos e que permitiram a ocupação dos ambientes temperados, gerando assim o gradiente observado atualmente.

Note-se que, sob o modelo II, não haveria causas biológicas ou ecológicas intrínsecas para variações nas taxas de especiação ou extinção, já que as espécies estariam adaptadas aos seus ambientes. O modelo II pode ser, de certa forma, similar ao modelo I com taxas de extinção mais elevadas nas regiões temperadas, mas é importante notar que, sob o modelo II, o efeito histórico seria puramente contingencial. Como sugeriram Wiens & Donoghue (2004), se o clima tivesse variado historicamente na direção oposta (ou seja, um resfriamento das regiões tropicais no passado), o gradiente de riqueza poderia ser invertido. Mais uma vez, a correlação observada atualmente entre riqueza de espécies e clima seria função indireta da dinâmica no clima, conforme simulado recentemente por Rangel *et al.* (2007).

A diferenciação entre os modelos I e II para efeitos históricos ainda é difícil com base em dados empíricos, tanto por razões conceituais quanto metodológicas. É bastante provável que um balanço entre esses dois modelos possam explicar simultaneamente os gradientes de diversidade, em múltiplas escalas de tempo e para diferentes grupos de organismos (ver Diniz-Filho *et al.*, 2007). Na verdade, espera-se que um modelo de conservação de nicho e antiguidade dos trópicos (modelo II) explique os gradientes em grupos de organismos que se diversificaram principalmente a partir do Eoceno médio, quando esses efeitos das mudanças climáticas passaram a ser bem mais acentuados. Ao mesmo tempo, existiria uma estrutura filogenética subjacente aos gradientes de diversidade, com espécies mais “basais” na filogenia ocorrendo principalmente em regiões tropicais, ou de ambientes “ancestrais” (Chown & Gaston, 2000; Hawkins *et al.*, 2005, 2006, 2007; Wiens *et al.*, 2007). Por outro lado, é possível que modelos de maior “turnover” de espécies por efeito de instabilidade climática nas regiões temperadas possa explicar diversificações mais recentes, durante o Pleistoceno, em função da alternância entre períodos glaciais e interglaciais.

A seguir, apresentamos uma avaliação dos padrões de riqueza de espécies de serpentes da família Elapidae no Novo Mundo a fim de exemplificar como o arcabouço conceitual exposto acima pode ser, pelo menos em parte, avaliado. Em um segundo momento, determinamos quais as implicações dos padrões observados e dos processos inferidos para a conservação da diversidade desse grupo.

RIQUEZA DE ESPÉCIES DE ELAPIDAE NO NOVO MUNDO

Padrões de riqueza de espécies

Foram analisadas 73 espécies da família Elapidae, sendo uma espécie do gênero *Micruroides*, quatro espécies do gênero *Leptomicrourus* e 68 espécies do gênero *Micrurus*. A partir dos pontos de ocorrência compilados de coleções herpetológicas e de Campbell & Lamar (2004), as distribuições geográficas das espécies com mais de 20 pontos de ocorrência foram modeladas por meio do método de modelagem de distribuição geográfica potencial GARP (‘Genetic Algorithm for Rule-Set Production’) (Stockwell & Noble, 1992, ver também Anacleto *et al.*, 2006). Para espécies com menos de 20 pontos, as distribuições foram delimitadas por meio de polígonos mínimos convexos (ver Diniz-Filho *et al.*, 2006). As áreas de distribuição geradas foram mapeadas sobre uma grade de 1° de latitude por um grau de longitude, e somadas para obter a riqueza de espécies.

A Figura 5 revela um forte padrão geográfico na riqueza de espécies de Elapidae, com acentuado número de espécies concentradas na região Amazônica, e diminuindo em direção ao sul da América do Sul e América do Norte. Esse padrão é concordante com os gradientes latitudinais de riqueza revelados por outros grupos de organismos em grandes escalas espaciais (Hawkins *et al.*, 2003a; Grenyer *et al.*, 2006).

Seguindo o arcabouço teórico apresentado acima, inicialmente foram utilizadas variáveis ambientais (Tabela 1) para modelar o padrão geográfico de riqueza de espécies, utilizando o pacote SAM (‘Spatial Analysis in Macroecology’, Rangel *et al.*, 2006). Essas variáveis, conjuntamente, explicaram 70% na variação de riqueza de espécies, sendo que a evapotranspiração atual (AET), uma variável composta que serve como indicador da disponibilidade de energia e água, apresentou o coeficiente de regressão mais elevado (Tabela 1) (o coeficiente de determinação de AET sobre a riqueza, em uma análise de regressão simples, foi igual a 58%). Assim, o padrão observado para as espécies de Elapidae é coerente com as análises realizadas para diversos grupos de organismos e que mostram que uma combinação de disponibilidade de energia e água explica grande parte da variação nos padrões de riqueza de espécies (Hawkins *et al.*, 2003). Entretanto, esse ajuste elevado não significa necessariamente que um modelo puramente ecológico seja suficiente para explicar o padrão observado, sendo necessário avaliar outros componentes históricos e evolutivos subjacentes a esse gradiente.

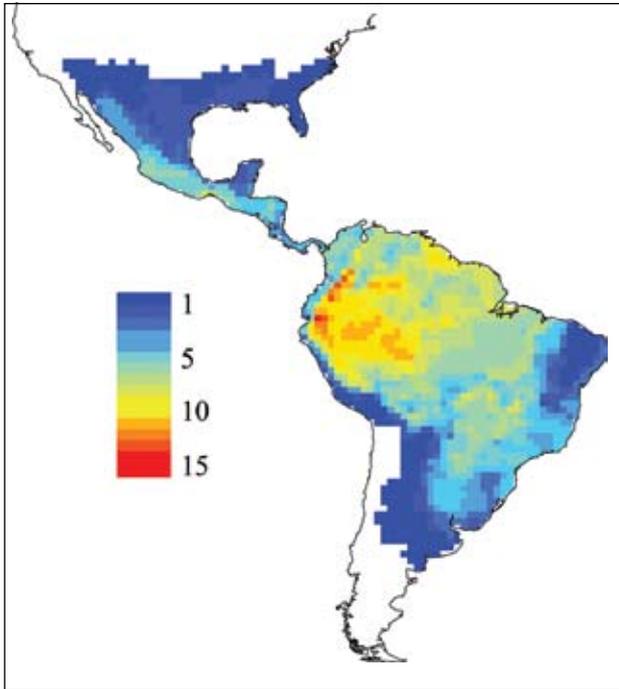


FIGURA 5 – Padrão de riqueza de 73 espécies de Elapidae no Novo Mundo.

A partir da filogenia disponível para Elapidae em Campbell & Lamar (2004), foi possível classificar um total de 43 espécies (do total de 73 analisadas anteriormente) em espécies “basais” e “derivadas” (ver Hawkins *et al.*, 2006, 2007), com base no número de nós existentes entre cada espécie e a “raiz” da árvore filogenética (distância RD). Embora esse método de “desconstrução filogenética” (sensu Marquet *et al.*, 2004) com base na distância RD seja bastante simples e não leve em consideração padrões filogenéticos mais complexos que poderiam ser expressos pelos tempos de diversificação, ele é útil quando existem filogenias pouco detalhadas. Além disso, essa divisão simples entre grupos basais e derivados deve ser suficiente para elucidar padrões históricos mais gerais.

Os mapas de riqueza das espécies basais e derivadas (Figura 6) mostram padrões distintos para esses dois grupos, o que não seria esperado sob um modelo ecológico/climático puro. Espécies basais de Elapidae concentram maior riqueza na região Amazônica, enquanto que as espécies derivadas apresentam maior riqueza na região centro-sul do Brasil. Isso indica que os modelos evolutivos tipo I ou II discutidos anteriormente podem ser utilizados para compreender os padrões observados, embora a filogenia disponível não permita uma análise detalhada de variações nas taxas de especiação e extinção (além disso, é difícil avaliar essas taxas em um contexto geográfico explícito, como obtido aqui).

TABELA 1 – Coeficientes de regressão padronizados médios (bw) ao longo de 63 modelos combinando o efeito de 6 variáveis ambientais explicando a riqueza de elapídeos no Novo Mundo. Os coeficientes padronizados foram ponderados pelo valor do peso (w) do critério de Informação de Akaike (AIC) em cada um dos modelos (ver Burnham & Anderson, 2002). Os coeficientes do modelo saturado (b), com todas as variáveis, mostram um padrão semelhante (mas com efeitos maiores da temperatura).

VARIÁVEIS AMBIENTAIS*	bw	b
AET	0,584	0,509
PET	- 0,126	- 0,214
UMR	0,069	0,047
ELEV	0,465	0,497
NPP	0,113	0,165
TEMP (1/kT)	- 0,534	- 0,715

* Variáveis ambientais utilizadas são evapotranspiração real (AET), evapotranspiração potencial (PET), umidade relativa (HUM); amplitude de elevação (RELEV), produtividade primária líquida (NPP) e temperatura (TEMP, transformada por $1/kT$, seguindo o modelo metabólico de Allen *et al.*, 2002).

Porém, outra possibilidade interessante de avaliar os modelos evolutivos I e II é através de simulações, conforme recentemente proposto por Rangel *et al.* (2007). Para gerar essas simulações foi utilizado aqui um modelo simples, no qual, a partir de uma espécie inicial situada na região de ocorrência das espécies mais basais (Amazônia), dá-se início a um processo de diversificação puramente estocástico, sob flutuações ambientais aleatórias. Sob essas flutuações ambientais, a área de distribuição de uma espécie ancestral se fragmenta, e as subdivisões a partir desta podem se extinguir ou dar origem a novas espécies. Durante esse processo, ocorre também um processo de evolução do nicho das espécies, que retém parte do nicho ancestral. Esse processo de evolução foi replicado 100 vezes e a riqueza média simulada apresentou gradientes parcialmente similares ao observado (Figura 7).

Em escala logarítmica (utilizada para corrigir efeitos de não-linearidade), a riqueza simulada sob um modelo histórico do tipo II explica 57% da variação na riqueza de espécies. Pode-se utilizar uma regressão parcial (Legendre & Legendre, 1998) a fim de desdobrar os efeitos diretos do ambiente na riqueza modelados anteriormente contra os efeitos simulados. Nesse caso, os dois conjuntos (efeitos do ambiente e efeitos da simulação) explicam simultaneamente 77% da variação na riqueza, sendo que os efeitos puramente climáticos

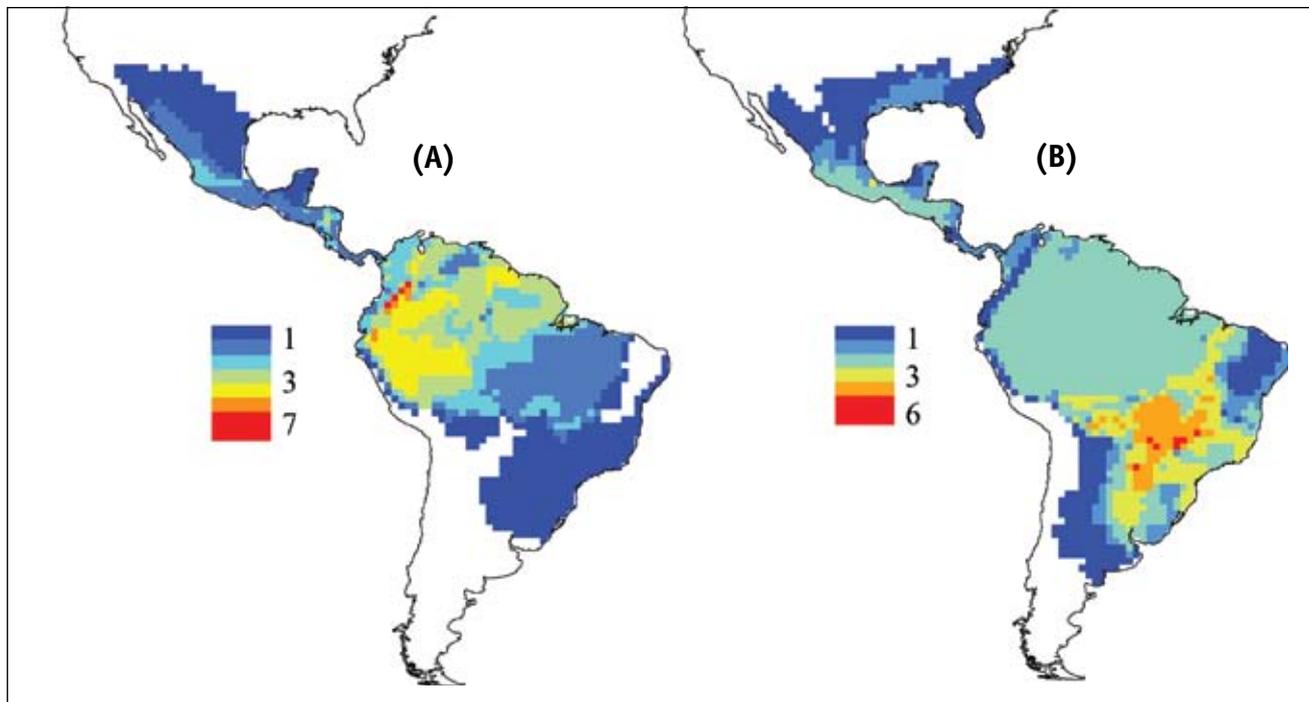


FIGURA 6 – Padrão de riqueza das espécies basais (A) e derivadas (B) de 43 espécies de Elapidae, definidas a partir da filogenia composta de Campbell & Lamar (2004).

explicam cerca de 20% da variação, comparados aos 2,5% explicados independentemente pela simulação. Há uma sobreposição de 54% entre os efeitos históricos simulados e os climáticos (ver Hawkins *et al.*, 2003b), o que mostra que a maior parte da variação histórica está estruturada climaticamente, conforme já discutido, seja por efeito de um modelo tipo I de diversificação ou pelo fato das simulações utilizarem como base para as variações ambientais, o clima atual (Rangel *et al.*, 2007).

De qualquer modo, as análises mostraram que a simulação de um processo estocástico de diversificação sob conservação de nicho explica uma proporção considerável (57%) da variação na riqueza de espécies, o que é compatível com os gradientes de riqueza basal e derivada observados (Hawkins *et al.*, 2005). Esses gradientes das espécies basais devem seguir os padrões históricos de diversificação ao longo do espaço geográfico, o que explicaria a correlação razoavelmente elevada com o modelo simulado. Isso mostra que modelos puramente ecológicos são insatisfatórios como explicação para os gradientes latitudinais de riqueza observados.

Implicações para conservação

Tem havido uma série de tentativas de utilizar padrões biogeográficos em estratégias de conservação aplicadas à escala regional e, mais recentemente, os principais

métodos de planejamento sistemático em conservação (ver Margules & Pressey, 2000) têm sido aplicados a partir de dados macroecológicos. Essa nova abordagem macroecológica passa a ser importante considerando-se que há pouca disponibilidade de inventários biológicos detalhados para grandes escalas espaciais, de modo que utilizar extensões de ocorrência (como neste trabalho) pode ser uma iniciativa eficiente em um contexto de biogeografia da conservação (Whittaker *et al.*, 2005). Um aspecto importante a ser discutido neste caso é que a unidade de análise usual em biogeografia, como uma célula de 1º de latitude/longitude, não pode ser obviamente considerada uma “reserva” ou “unidade de planejamento”. Nesse caso, parte-se do princípio de que análises em escalas espaciais amplas e baseadas em dados relativamente grosseiros podem ser úteis em um sistema hierárquico de tomada de decisões. Assim, a análise dos padrões de complementaridade nessas escalas permite identificar regiões potencialmente importantes, nas quais podem ser realizados estudos mais detalhados a fim de avaliar padrões de viabilidade populacional, fragmentação de habitats, potenciais de manutenção da diversidade genética, etc.

Parece bastante intuitivo imaginar que regiões prioritárias para conservação sejam áreas de elevada riqueza. Entretanto, o objetivo dos métodos de

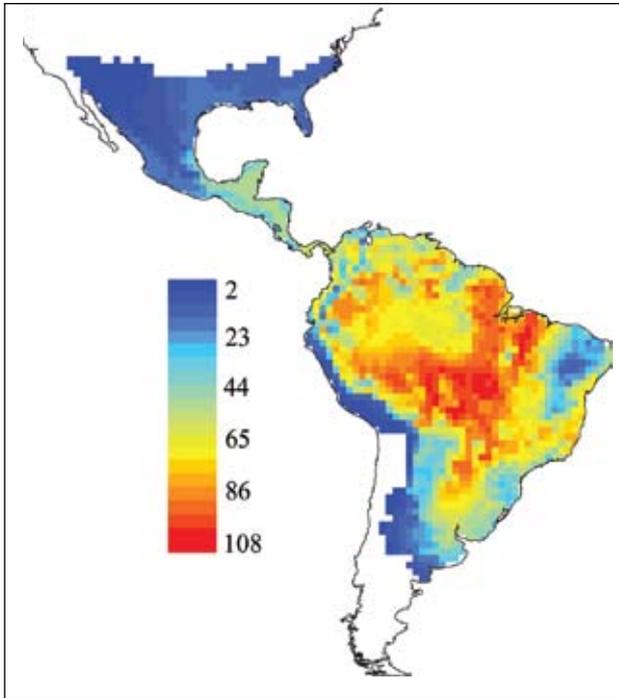


FIGURA 7 – Padrão de riqueza gerado pela simulação da diversificação das espécies de elapídeos a partir da espécie ancestral sob um processo de conservação de nicho (ver Rangel *et al.*, 2007 para detalhes).

planejamento sistemático é usualmente encontrar um conjunto mínimo de unidades de planejamento que máxime a representatividade ou persistência dos alvos (i.e., espécies) (ver Loyola & Lewinsohn, neste volume). Uma abordagem matematicamente simples para tentar resolver esse problema é usar uma estratégia sequencial ('greedy') (Church *et al.*, 1996; Pressey *et al.*, 1997), que consiste em encontrar inicialmente a área mais rica, e selecioná-la como a primeira área do sistema. Feito isso, e partindo-se do princípio que o objetivo é representar as espécies pelo menos uma vez, pode-se assumir que as espécies que ocupam essa primeira área já estão representadas no sistema. O próximo passo é encontrar a próxima área que contenha o maior número de espécies diferentes das que já estão na primeira área selecionada (ou seja, que seja ao máximo complementar à área já incluída). Esse procedimento continua até que todas as espécies estejam incluídas no sistema. Embora esse procedimento seja simples e forneça, na maior parte das vezes, soluções sub-ótimas (ou seja, o número de áreas selecionadas para o sistema de reservas é maior do que o mínimo 'real'), ele pode ser aplicado facilmente a matrizes grandes e é de fácil compreensão.

O algoritmo sequencial não fornece necessariamente a solução ótima, sendo possível realizar análises mais sofisticadas para encontrar redes de complementaridade através de procedimentos não sequenciais, como o algoritmo de anelamento simulado ('simulated annealing' - SSM), implementado no programa SITES (ver Possingham *et al.*, 2000). Entretanto, antes de definir melhor o problema da otimização, é preciso pensar que, em muitas ocasiões (i.e., especialmente ao se utilizar dados amplos de distribuição geográfica e modelos simples de representação com base em dados de presença-ausência), existem muitas soluções 'mínimas' possíveis no espaço geográfico. Ou seja, é possível encontrar várias combinações de áreas no espaço que resolvam as equações e assim representem todas as espécies em um número mínimo de áreas. Assim, um mapa das frequências relativas das células nas múltiplas soluções indica sua importância relativa no sentido de alcançar as metas de conservação estabelecidas. Essa frequência é um estimador da "insubstituibilidade" das áreas (Meir *et al.*, 2004; Diniz-Filho *et al.*, 2006).

Para se compreender melhor o significado da insubstituibilidade, imagine-se uma espécie qualquer que exista apenas em uma única unidade de planejamento. Se o objetivo é representar todas as espécies pelo menos uma vez, essa unidade que contém essa espécie deve ser incluída em todos os possíveis sistemas de reservas, independentemente de qualquer outro aspecto do modelo ou da presença de outras espécies. Caso isso não ocorra, a meta de conservação de representar todas as espécies pelo menos uma vez não será alcançada. Portanto, neste exemplo, a área que contém a espécie terá uma frequência 1.0 (100%) nas múltiplas soluções obtidas, ou seja, possuirá uma insubstituibilidade máxima.

Para os dados de Elapidae no Novo Mundo, o SSM foi aplicado objetivando representar cada uma das 73 espécies pelo menos uma vez. Cada uma das soluções encontrada pelo SSM possui 25 células, de modo que este seria o menor número de células necessário para representar as 73 espécies pelo menos uma vez. A frequência de cada uma das células em 100 soluções mínimas estima a sua insubstituibilidade e mostra regiões importantes para conservação principalmente no extremo noroeste da América do Sul, próximo ao Panamá (Figura 8).

Entretanto, pode-se aumentar a complexidade do modelo do SSM incorporando-se outros custos ao problema de otimização. Com base em dados de ocupação humana, seria possível, por exemplo, encontrar a solução que maximiza a representatividade da espécie, mas que incorpora apenas as células com a menor ocupação

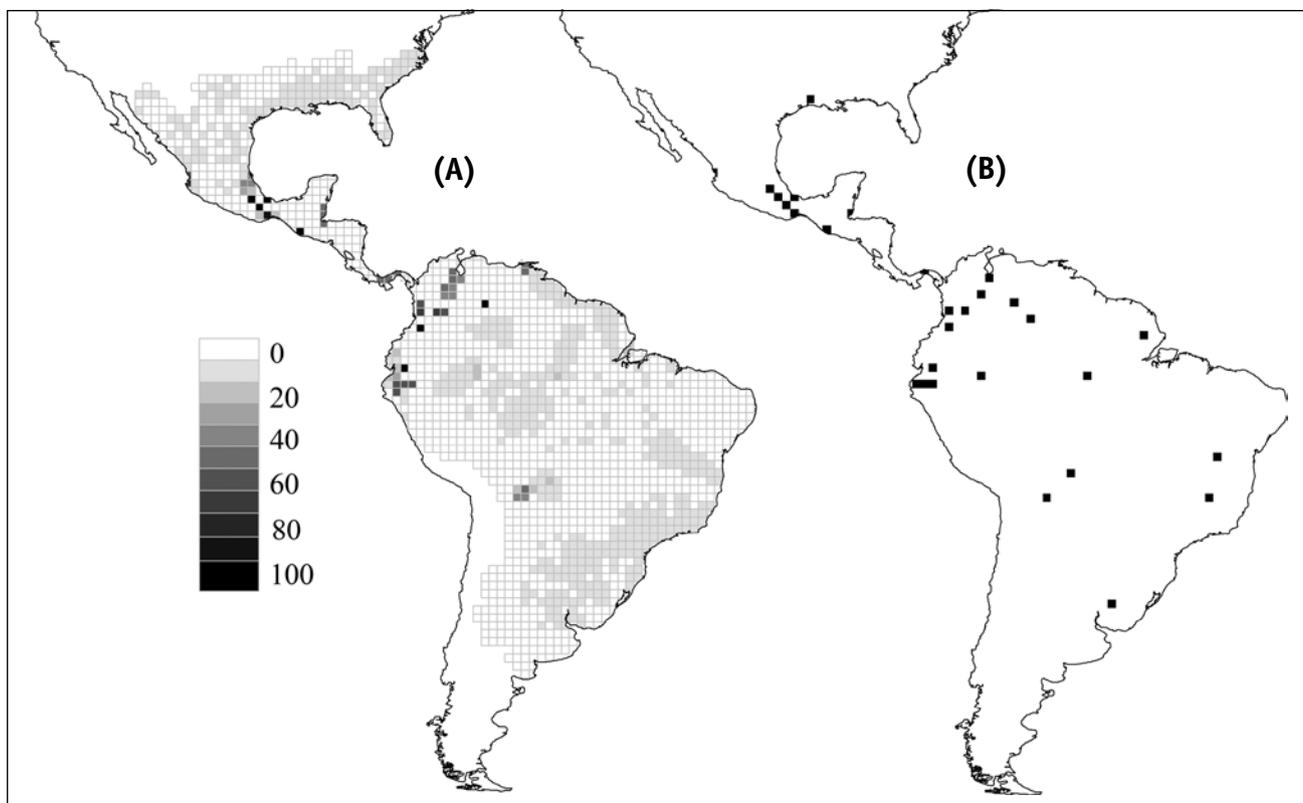


FIGURA 8 – Padrões de insubstituibilidade (A) obtidos pelo programa SITES para representar as 73 espécies de Elapidae pelo menos uma vez, e solução única com 25 células (B) representando todas as espécies, mas, ao mesmo tempo, maximizando a produtividade (AET) nas células selecionadas.

possível. Outra possibilidade seria utilizar um dos preditores ambientais definidos anteriormente, como AET, para garantir que as unidades selecionadas estejam em condições ambientais adequadas para a ocorrência das espécies. Como neste caso foi adicionada ao modelo uma variável quantitativa (AET), as múltiplas soluções possuem custos finais diferentes, de modo que é possível escolher uma das soluções como a de menor “custo total”, ou seja, que representa todas as espécies no ambiente mais favorável possível (com maior soma dos valores de AET nas células que a compõe) (Figura 8).

Finalmente, seria possível ainda utilizar a classificação com base na distância RD e realizar essas análises para grupos distintos, de espécies basais e derivadas. Neste exemplo, o número de espécies em cada uma das classes é pequeno, mas isso permitirá, em um certo sentido, otimizar as estratégias de conservação em um contexto de diversidade filogenética (ver Purvis *et al.* 2005), no qual regiões que possuem espécies mais basais, possuem maior quantidade de “informação evolutiva” e deveriam ter prioridade em relação a regiões com mais espécies relacionadas filogeneticamente, que seriam de certo modo redundantes.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos ao Dr. José Maria Cardoso da Silva pelo convite para participar do simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil”, realizado durante o XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia. Nosso trabalho sobre padrões de diversidade tem sido constantemente apoiado pelo CNPq (procs. 301259/2005-4 to 470918/2006-3 JAFDF), CAPES (bolsas de Doutorado de L.C. Terribile e T.F.V.B. Rangel) e pela FUNAPE/UFG. T.F.V.B. Rangel recebe também apoio financeiro de Fulbright/CAPES, NSF e University of Connecticut, para desenvolvimento de programas de simulação de padrões de diversidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Allen, A.P., J.H. Brown & J.F. Gillooly. 2002. Global biodiversity, biochemical kinetics, and the energetic-equivalence rule. *Science* 297: 1545-1548.
- Anacleto, T.C.S., J.A.F. Diniz & M.V.C. Vital. 2006. Estimating potential geographic ranges of armadillos (*Xenarthra*, Dasypodidae) in Brazil under niche-based models. *Mammalia* 70: 202-213.

- Araújo, M.B. & R.G. Pearson. 2005. Equilibrium of species' distributions with climate. *Ecography* 28: 693-695
- Brown, J.H. & B.A. Maurer. 1989. Macroecology: The division of food and space among species on continents. *Science* 243: 1145-1150.
- Burnham, K.P. & D.R. Anderson. 2002. Model selection and multimodel inference. A practical information – theoretical approach. Springer, New York.
- Brown, J.H. 1995. Macroecology. University of Chicago Press, Chicago.
- Campbell, J.A. & W.W. Lamar. 2004. The venomous reptiles of the Western Hemisphere. (Vol I and II). Cornell University Press, New York.
- Chown, S.L. & L.J. Gaston. 2000. Areas, cradles and museums: the latitudinal gradient in species richness. *Trends in Ecology and Evolution* 15: 311-315.
- Church, R.L., D.M. Stoms & F.W. Davis. 1996. Reserve selection as a maximal covering location problem. *Biological Conservation* 76: 105-112.
- Currie, D.J. 1991. Energy and large-scale patterns of animal- and plant-species richness. *The American Naturalist* 137: 27-49.
- Currie, D.J., G.G. Mittelbach, H.V. Cornell, R. Field, J-F. Guégan, B.A. Hawkins, D.M. Kaufman, J.T. Kerr, T. Oberdorff, E. O'Brien & J.R.G. Turner. 2004. Predictions and tests of climate-based hypotheses of broad-scale variation in taxonomic richness. *Ecology Letters* 7: 1121-1134.
- Diniz-Filho J.A.F., L.M. Bini, M.P. Pinto, T.F.L.V.B. Rangel, P. Carvalho & R. P. Bastos. 2006. Anuran species richness, complementarity and conservation conflicts in Brazilian Cerrado. *Acta Oecologica* 29: 9-15.
- Diniz-Filho, J.A.F., T.F.L.V.B. Rangel, L.M. Bini & B.A. Hawkins. 2007. Macroevolutionary dynamics in environmental space and the latitudinal diversity gradient in New World birds. *Proc. Roy. Soc. B* 274: 43-52.
- Dobzhansky, T. 1950. Evolution in the tropics. *Amer. Sci* 38: 209-221.
- Gaston, K.J. & T.M. Blackburn. 2000. Pattern and Process in Macroecology. Blackwell Science, Oxford.
- Grenyer, R., C.D.L. Orme, S.F. Jackson, G.H. Thomas, R.G. Davies, T.J. Davies, K.E. Jones, V.A. Olson, R.S. Ridgely, P.C. Rasmussen, T. Ding, P.M. Bennett, T.M. Blackburn, K.J. Gaston, J.L. Gittleman & I.P.F. Owens. 2006. Global distribution and conservation of rare and threatened vertebrates. *Nature* 444: 93-96.
- Hawkins, B.A. 2001. Ecology's oldest pattern? *Trends in Ecology and Evolution* 16: 470.
- Hawkins, B.A. 2004. Are we making progress toward understanding the global diversity gradient? *Basic and Applied Ecology* 5: 1-3.
- Hawkins, B.A., R. Field, H.V. Cornell, D.J. Currie, J-F. Guégan, D.M. Kaufman, J.T. Kerr, G.G. Mittelbach, T. Oberdorff, E.M. O'Brien, E.E. Porter & J.R.G. Turner. 2003a. Energy, water, and broad-scale geographic patterns of species richness. *Ecology* 84: 3105-3117.
- Hawkins, B.A., E.E. Porter & J.A.F. Diniz-Filho. 2003b. Productivity and history as predictors of the latitudinal diversity gradient of terrestrial birds. *Ecology* 84: 1608-1623.
- Hawkins B.A., J.A.F. Diniz-Filho & S.A. Soeller. 2005. Water links the historical and contemporary components of the Australian bird diversity gradient. *Journal Biogeography* 32: 1035-1042.
- Hawkins, B.A., J.A.F. Diniz-Filho, C.A. Jaramillo & S.A. Soeller. 2006. Post-Eocene climate change, niche conservatism, and the latitudinal diversity gradient of New World birds. *Journal of Biogeography* 33:770-780.
- Hawkins, B.A., J.A.F. Diniz-Filho, C.A. Jaramillo & S.A. Soeller. 2007. Climate, niche conservatism, and the global bird diversity gradient. *The American Naturalist* 170: S16-S27 Supplement.
- Hubbell, S.P. 2001. The unified neutral theory of biodiversity and biogeography. Princeton University Press, Princeton, New Jersey, USA.
- Hutchinson, G.E. 1959. Homage to Santa Rosalia, or why are these so many kinds of animals? *The American Naturalist* 93: 145-159.
- Jablonski, D., K. Roy & J.W. Valentine. 2006. Out of the tropics: evolutionary dynamics of the latitudinal diversity gradient. *Science* 314: 102-106.
- Legendre, P. & L. Legendre. 1998. Numerical ecology. Elsevier, Amsterdam.
- Loyola, D.R. & T.M. Lewinsohn. 2009. Diferentes abordagens para seleção de prioridades de conservação em um contexto macrogeográfico. *Megadiversidade* 5(1): 29-42.
- MacArthur, R.H. 1972. *Geographical Ecology: Patterns in the distribution of species*. Harper and Row, New York.
- Margules, C.R. & R.L. Pressey. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.
- Marquet, P.A., M. Fernández, S.A. Navarrete & C. Valdovinos. 2004. Diversity emerging: toward a deconstruction of biodiversity patterns. In: M. Lomolino & L.R. Heaney (eds.). *Frontiers of Biogeography: New Directions in the Geography of Nature*. pp 191-209. Sinauer Associates, Massachusetts.
- Maurer, B.A. 1999. *Untangling Ecological Complexity*. University of Chicago Press, Chicago.
- Meir, E., S. Andelman & H.P. Possingham. 2004. Does conservation planning matter in a dynamic and uncertain world? *Ecology Letters* 7: 615-622.
- Mittelbach, G.G., D.W. Schemske, H.V. Cornell, A.P. Allen, J.M. Brown, M.B. Bush, S.P. Harrison, A.H. Hurlbert, N. Knowlton, H.A. Lessios, C.M. McCain, A.R. McCune, L.A. McDade, M.A. McPeck, T.J. Near, T.D. Price, R.E. Ricklefs, K. Roy, D.F. Sax, D. Schluter, J.M. Sobel & M. Turelli. 2007. Evolution and the latitudinal diversity gradient: speciation, extinction and biogeography. *Ecology Letters* 10: 315-331.
- Pianka, E.R. 1966. Latitudinal gradients in species diversity: A review of concepts. *The American Naturalist* 100: 33-46.
- Possingham, H., I. Ball & S. Andelman. 2000. Mathematical methods for identifying representative reserve networks. In *Quantitative methods for conservation biology* (eds S. Ferson & M. Burgman), pp. 291-306. Springer-Verlag, New York.
- Pressey, R.L., H.P. Possingham & J.R. Day. 1997. Effectiveness of alternative heuristic algorithms for identifying indicative minimum requirements for conservation reserves. *Biological Conservation* 80: 207-219.
- Purvis, A., J.L. Gittleman & T. Brooks. 2005. *Phylogeny and conservation*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Rahbek, C. & G.R. Graves. 2001. Multiscale assessment of patterns of avian species richness. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 98: 4534-4539.

- Rangel, T.F.L.V.B., J.A.F. Diniz-Filho & L.M. Bini. 2006. Towards an integrated computational tool for spatial analysis in macroecology and biogeography. *Global Ecology and Biogeography* 15: 321-327.
- Rangel, T.F.L.V.B., J.A.F. Diniz-Filho & R.K. Colwell. 2007. Species richness and evolutionary niche dynamics: a spatial pattern oriented simulation experiment. *The American Naturalist* 170: 602-616.
- Ricklefs, R.E. 2004. A comprehensive framework for global patterns in biodiversity. *Ecology Letters* 7: 1-15.
- Ricklefs, R.E. 2006. Evolutionary diversification and the origin of the diversity- environment relationship. *Ecology* 87: S3-S13.
- Rohde, K. 1992. Latitudinal gradients in species diversity: The search for the primary cause. *Oikos* 65: 514-527.
- Roy, K. & E.E. Goldberg. 2007. Origination, extinction, and dispersal: Integrative models for understanding present-day diversity gradients. *American Naturalist* 170: S71-S85 Supplement.
- Stockwell, D.R.B. & I.R. Noble. 1992. Induction of sets of rules from animal distribution data: A robust and informative method of data analysis. *Mathematics and Computers in Simulation* 33: 385-390.
- Weir, J.T. & D. Schluter. 2007. The latitudinal gradient in recent speciation and extinction rates of birds and mammals. *Science* 315: 1574-1576.
- Whittaker, R.J., K.J. Willis & R. Field. 2001. Scale and species richness: towards a general, hierarchical theory of species diversity. *Journal of Biogeography* 28: 453-470.
- Whittaker, R.J., M.B. Araújo, P. Jepson, R.J. Ladle, J.E.M. Watson & K.J. Willis. 2005. Conservation Biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distributions* 11: 3-23.
- Wiens, J.J. & M.J. Donoghue. 2004. Historical biogeography, ecology and species richness. *Trends in Ecology and Evolution* 19: 639-644.
- Wiens, J.J., G. Parra-Olea, M. Garcia-Paris, D.B. Wake. 2007. Phylogenetic history underlies elevational biodiversity patterns in tropical salamanders. *Proc. R. Soc. B* 274: 919-928.
- Willig, M.R., D.M. Kaufman & R.D. Stevens. 2003. Latitudinal gradients of biodiversity: Pattern, process, scale, and synthesis. *Annual Review of Ecology, Evolution and Systematics* 34: 273-309.

Mudanças climáticas e seus efeitos sobre a biodiversidade: um panorama sobre as atividades de pesquisa

TADEU SIQUEIRA¹
ANDRÉ ANDRIAN PADIAL²
LUIS MAURICIO BINI^{3*}

¹ Programa de Pós-Graduação em Ecologia & Recursos Naturais, Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, Brasil.

² Programa de Pós-Graduação em Ecologia & Evolução, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

³ Departamento de Biologia Geral, ICB, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

* e-mail: bini@icb.ufg.br

RESUMO

A atividade de pesquisa relacionada com os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade tem aumentado rapidamente. Uma análise bibliométrica utilizando uma combinação de palavras-chaves (“clima* change” OR “Global change” e biodiversity OR “bio* diversity”) no banco de dados Web of Science® (Thomson ISI) revelou um total de 1.198 artigos. Aproximadamente 83% dos artigos foram publicados nos últimos sete anos (entre 2000 e 12/10/2007), indicando que a produção científica sobre o tema é recente. Uma elevada porcentagem da produção (73,4%) está concentrada em periódicos categorizados nas áreas de Ecologia e Ciências Ambientais. A produção científica sobre esse tema também tem sido preponderantemente desenvolvida por autores originários de alguns poucos países (EUA e Canadá e Inglaterra). Apenas 17 artigos (1,4%) foram publicados por autores brasileiros, exemplificando o pequeno número de estudos nas regiões tropicais. Apesar da tendência de aumento da atividade científica sobre mudanças climáticas e biodiversidade, a porcentagem total de artigos abordando o tema é baixa. Em geral, a maior atenção das pesquisas em biologia da conservação ainda é dada a outras ameaças (conversão de habitat, fragmentação, introdução de espécies exóticas). Provavelmente, os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade serão estudados com maior frequência utilizando modelos baseados na teoria do nicho. No entanto, diversas limitações dessa estratégia estão sendo listadas na literatura recente, sugerindo que, embora promissoras, esta estratégia deve ser empregada com cautela.

ABSTRACT

Scientific activity on the effects of climate change on biodiversity is increasing conspicuously. A bibliometric analysis using a combination of key-words (“clima change” OR “Global change” e biodiversity OR “bio* diversity”) in the Web of Science® (Thomson ISI) database retrieved a total of*

1.198 papers. Nearly 83% of them were published in the last seven years indicating that the scientific production on the issue is recent. A high proportion of the production (73%) is concentrated in journals related to Ecology and Environmental Sciences. Articles on climate change and biodiversity were written preponderantly by author from USA, Canada and England, and only 17 articles (1.4%) were published by Brazilian authors, indicating the paucity of studies in tropical regions. Despite the positive trend in the number of papers, the proportion of studies on climate changes and biodiversity is low and, in general, conservation biologists are more concerned with other threats (e.g. habitat loss, habitat fragmentation, exotic species). Most likely, the effects of climatic changes on biodiversity will be studied with higher frequency by using niche-theory models. However, these models suffer from several limitations and, despite promising, this strategy should be used with caution.

INTRODUÇÃO

O efeito do clima e de condições meteorológicas extremas sobre a biota não pode ser considerado um tema de pesquisa recente. Por exemplo, qualquer biólogo que tenha estudado análises multidimensionais no livro escrito por Manly (1994) pode lembrar o efeito que fortes tempestades de inverno exerciam sobre a mortalidade do pardal doméstico (como descrito por H.C. Bumpus em 1899), resultando na seleção estabilizadora em fêmeas e seleção direcional (para grande tamanho de corpo) em machos (Parmesan, 2006).

No início da década de 90, a despeito da grande quantidade de estudos prévios que demonstraram, com diferentes abordagens, a influência do clima sobre as biotas, existia certa relutância por parte da comunidade científica em aceitar que as mudanças climáticas modernas poderiam afetar a biodiversidade do planeta (Parmesan, 2006). Durante esse período outros impactos globais foram considerados mais importantes, como por exemplo, a destruição de habitats (Vitousek, 1992). No entanto, desde o início da década atual, diversos resultados empíricos, revisões e projeções sobre os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade (doravante EMCB) (e.g. Sala *et al.*, 2000; Walther *et al.*, 2002, 2005; Araújo & Rahbek, 2006; Thuiller, 2007; Hoegh-Guldberg *et al.*, 2007) indicam que a proporção de cientistas céticos tem decrescido.

Certamente, evidências convincentes dos efeitos do aquecimento global sobre as biotas, como um resultado globalmente coerente (Parmesan & Yohe, 2003), são encontradas em diversos estudos realizados em diferentes partes do mundo (e.g. Parmesan *et al.*, 1999; Perry *et al.*, 2005; Parmesan, 2006 e suas referências). No entanto, a análise bibliométrica que nós realizamos no presente estudo também demonstra o interesse crescente da comunidade científica em função do reconhecimento

do problema (e.g. detecções de mudanças na fenologia ou distribuição geográfica das espécies como respostas às mudanças climáticas). Análises detalhadas buscando sintetizar resultados quantitativos, através de procedimentos meta-analíticos e revisões sobre os efeitos das mudanças climáticas globais já foram realizadas previamente (e.g. Parmesan *et al.*, 1999; Parmesan & Yohe, 2003; Root *et al.*, 2003) e não serão realizadas aqui. Ao invés disso, o nosso objetivo foi o de caracterizar a literatura sobre o tema considerando diferentes descritores. Mais especificamente, nós apresentamos uma sinopse sobre os grupos taxonômicos, ambientes, escalas e principais assuntos abordados nos artigos publicados. Além disso, nós descrevemos a evolução das publicações nas últimas décadas, o padrão geográfico considerando os países onde os estudos foram realizados e analisamos alguns aspectos do uso de “Modelos de Envelopes Bioclimáticos” (MEBs) para avaliar os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade.

A ABORDAGEM BIBLIOMÉTRICA

As análises cienciométricas ou bibliométricas abrangem diferentes métodos que têm como objetivos avaliar e quantificar as tendências da produção científica numa determinada área da ciência. Essas análises, além de fornecerem um panorama geral sobre a atividade científica, também podem ser utilizadas para identificar particularidades na estrutura de uma área de pesquisa (e.g. hegemonia do conhecimento e provincianismo) lacunas e vieses (e.g. temporais, taxonômicos, geográficos) que requerem maior atenção da comunidade científica (Verbeek *et al.*, 2002).

Nossa análise foi baseada em um levantamento automático utilizando uma combinação de palavras-chaves (“clima* change” OR “Global change” e “biodiversity” OR

“bio* diversity”) e o banco de dados *Web of Science*® (*Thomson ISI*). Para cada artigo detectado nesse levantamento, nós obtivemos o país de origem da instituição dos autores e o perfil principal da revista (obtido através da categorização de assuntos do ISI) em que o artigo foi publicado. Além disso, considerando a elevada concentração de publicações nos anos mais recentes, nós realizamos uma análise mais detalhada nos resumos dos 500 últimos artigos detectados. Para cada um desses resumos, nós registramos os grupos taxonômicos utilizados nos estudos (e.g. vertebrados, plantas, invertebrados, fungos e outros), o ambiente estudado (e.g.. terrestre, marinho ou água doce), a escala de estudo (local, regional ou global), e o foco de estudo. Para essa última informação, nós classificamos os artigos da seguinte maneira: *perda de biodiversidade* – estudos que avaliaram efetivamente a perda de biodiversidade (e.g. diminuição na abundância de um táxon); *processos* – estudos que analisaram efeitos de mudanças climáticas sobre processos (e.g. produtividade e decomposição); *área de distribuição* – estudos que avaliaram ou modelaram mudanças na área de distribuição original dos organismos; *paleontológicos* – estudos que avaliaram efeitos de eventos de mudanças paleoclimáticas; *manejo* – estudos que propuseram manejo de atividades agrícolas, florestais e delineamento de reservas frente às mudanças climáticas e *outros* – diversos outros focos de estudo (e.g. mudanças climáticas afetando interações bióticas ou dinâmicas populacionais).

TENDÊNCIAS DE AUMENTO DA PRODUÇÃO CIENTÍFICA SOBRE MUDANÇAS CLIMÁTICAS E BIODIVERSIDADE

Dos 1198 artigos que foram recuperados de acordo com os nossos critérios de busca, aproximadamente 83% foram publicados nos últimos anos (entre 2000 e 12/10/2007), indicando que grande parte da produção científica sobre mudanças climáticas e efeitos na biodiversidade é recente. Após a publicação dos primeiros artigos sobre o tema houve um crescimento conspícuo do número de publicações (Fig. 1). O aumento na produção científica também é caracterizado por valores maiores que o esperado pela tendência de longo prazo. Em geral, estes valores discrepantes (e.g. em 1992 e 1998) coincidem com a época em que foram realizadas conferências mundiais sobre as mudanças climáticas e a crise de biodiversidade (e.g. a “Convenção da Biodiversidade” realizada no Rio de Janeiro; a ratificação do Protocolo de Kyoto e alterações na “Agenda 21”). Estes resultados podem indicar a influência de demandas sociais sobre a atividade científica, a despeito da complexidade do tema (Elith *et al.*, 2006) e, principalmente, das incertezas associadas com as predições (Araújo *et al.*, 2005a; Araújo & Rahbek, 2006; Araújo & New, 2007; Diniz-Filho & Bini, 2008) sobre um problema que será herdado (ou não!) pelas próximas gerações.

Lawler *et al.* (2006) analisaram tendências em estudos sobre ameaças a biodiversidade (ex. fragmentação do habitat e introdução de espécies exóticas) e somente

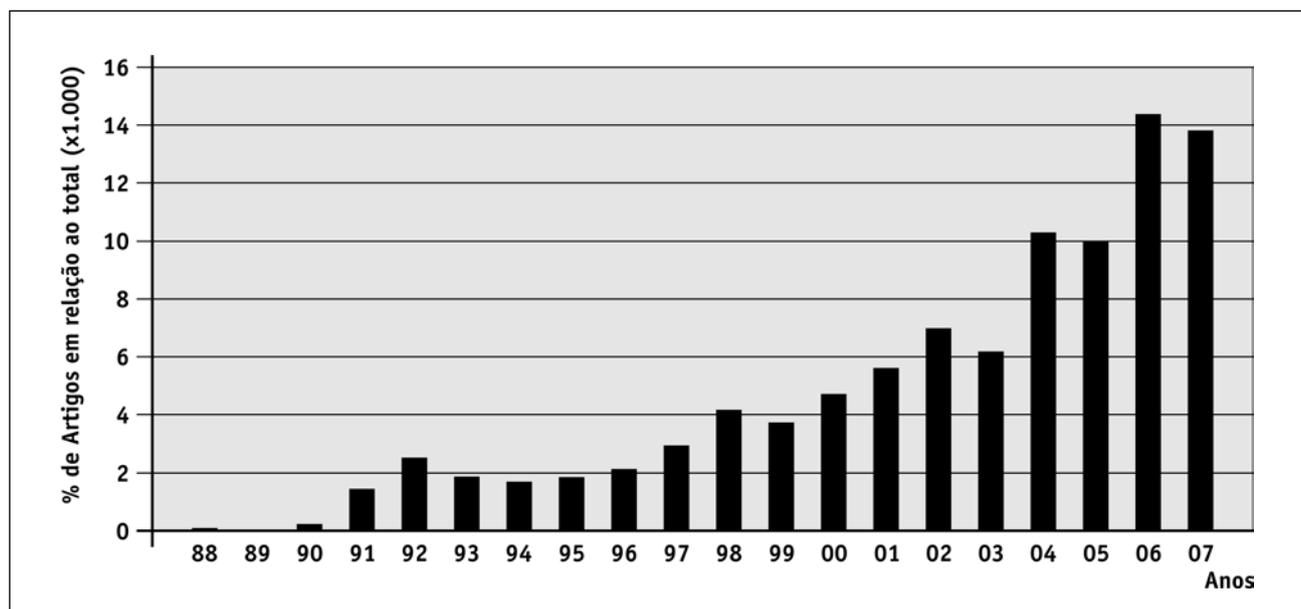


FIGURA 1 – Tendência de publicação de trabalhos que utilizaram os termos mudanças climáticas globais e biodiversidade. Os dados foram obtidos junto à base de dados *Web of Science*® (*Thomson ISI*) com uma combinação de palavras-chaves (“clima* change” OR “Global change” e biodiversity OR “bio* diversity”).

os estudos sobre mudanças climáticas apresentaram um aumento significativo na porcentagem de artigos publicados. Entretanto, a porcentagem total de artigos abordando o tema só é maior do que a proporção de estudos que investigam os efeitos das doenças sobre a biodiversidade (Lawler *et al.*, 2006). Assim, considerando a definição de linhas de pesquisa prioritárias para a biologia da conservação, o aumento da produção científica acerca dos efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade dificilmente pode ser considerado um fenômeno explicado pelo “modismo” em ciência (i.e. escolha de problemas de investigação com base em critérios não-científicos; Crane, 1969).

CARACTERÍSTICAS DAS PUBLICAÇÕES

Países dos pesquisadores

A produção científica sobre o tema tem sido preponderantemente desenvolvida por autores originários de alguns poucos países (EUA, Canadá e Inglaterra, totalizando 69,4%), muito embora exista uma tendência de aumento da cooperação científica internacional.

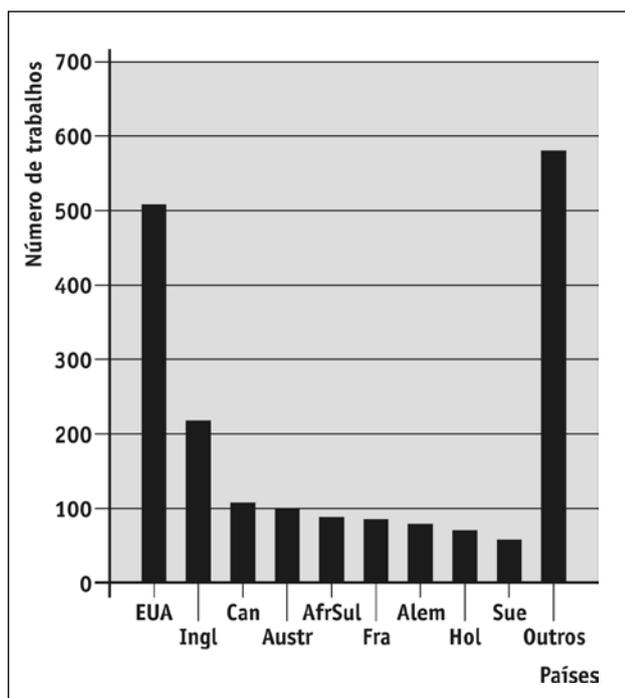


FIGURA 2 – Países dos autores que publicaram os artigos analisados. **EUA** = Estados Unidos da América; **Ingl** = Inglaterra; **Can** = Canadá; **Austr** = Austrália; **AfrSul** = África do Sul; **Fra** = França; **Alem** = Alemanha; **Hol** = Holanda; **Sue** = Suécia. Uma vez que os artigos podem ser publicados conjuntamente entre autores de diferentes países, o somatório dos artigos considerando cada país é maior do que 1.198 artigos (o total obtido pela nossa busca).

Artigos de autores dos Estados Unidos da América foram mais numerosos, atingindo 42% dos artigos obtidos no levantamento (n = 508; Figura 2). Assim, a despeito da resistência governamental em assinar tratados internacionais sobre mudanças climáticas (Manne & Richel, 2004), os EUA lideram, como em várias outras áreas da ciência (Hermes-Lima *et al.*, 2007), a pesquisa sobre EMCB.

No total, autores de 80 nacionalidades publicaram artigos que discorreram, direta ou indiretamente, sobre o problema dos EMCB. Isso indica que os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade são uma preocupação mundial. No entanto, ainda assim existem lacunas geográficas, sendo que os estudos são preponderantemente provenientes da América do Norte, Norte da Europa e Rússia (Parmesan, 2006). Apenas 17 artigos (1,4%) foram publicados por autores brasileiros, exemplificando o pequeno número de estudos nas regiões tropicais.

Alvos de publicação

Os artigos sobre EMCB foram distribuídos em 336 periódicos científicos pertencentes a 97 categorias de assunto (segundo classificação do ISI). Uma elevada porcentagem da produção está concentrada em periódicos categorizados nas áreas de Ecologia e Ciências Ambientais (Figura 3). No entanto, 83 categorias não são relacionadas com periódicos que publicam estudos ecológicos (e.g. ciências políticas, ciências sociais, ciências médicas, física e filosofia). Isto sugere que nosso levantamento selecionou estudos que não avaliavam efetivamente os efeitos das mudanças climáticas sobre os organismos. De fato, a análise dos resumos dos 500 últimos artigos publicados mostrou que aproximadamente metade (237 artigos ou 47% dos artigos analisados) não avaliava os efeitos de mudanças globais sobre organismos e/ou ecossistemas. Apesar de esses trabalhos incluírem os termos utilizados na busca em alguma parte do texto, os propósitos das pesquisas eram outros (por exemplo, discutir políticas públicas para conservação). Dessa forma, a despeito de um crescimento considerável, estudos que avaliam efetivamente os efeitos de mudanças climáticas globais sobre as comunidades biológicas ainda são escassos (Lawler *et al.*, 2006). A análise subsequente diz respeito aos 263 artigos que, de alguma maneira, avaliaram os efeitos de mudanças globais sobre organismos e/ou ecossistemas.

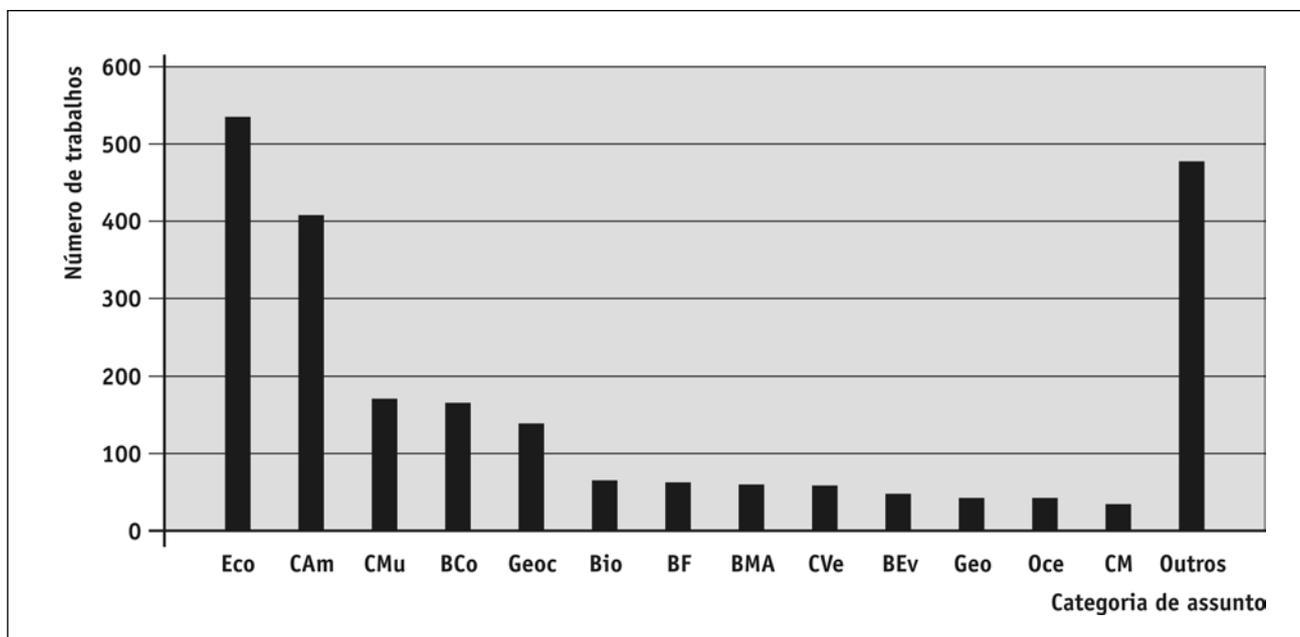


FIGURA 3 – Categorias de assunto dos artigos selecionados pela busca (ver seção Métodos). **Eco** = Ecologia; **CAm** = Ciências Ambientais; **CMu** = Ciências Multidisciplinares; **BCo** = Biologia da Conservação; **Geoc** = Geociências; **Bio** = Biologia Geral; **BF** = Biologia Florestal; **BMA** = Biologia Marinha e de Água doce; **CVe** = Ciências Vegetais; **BEv** = Biologia Evolutiva; **Geo** = Geografia; **Oce** = Oceanografia; **CM** = Ciências Meteorológicas e Atmosféricas. Como a maioria das revistas publica trabalhos sobre diferentes assuntos, um mesmo artigo foi classificado em diferentes categorias. Portanto, devido a essa sobreposição, a somatória dos artigos considerando cada categoria é maior do que 1.198 artigos.

Grupos taxonômicos utilizados

Estudos que utilizaram plantas como grupo taxonômico foram os mais numerosos entre os artigos analisados (32% dos artigos analisados, Figura 4). A preponderância de estudos fenológicos em plantas pode ser atribuída à necessidade prática de calendários agrícolas que resultam em longas séries de dados (Parmesan, 2006). Adicionalmente, os primeiros trabalhos ecológicos utilizaram plantas como grupo de estudo (por exemplo, trabalhos sobre organização de comunidades de Clements e Cowles; veja Real & Brown, 1991) e os registros de eventos biológicos mais antigos que existem na literatura (mais de 5000 anos) são os de fenologia de plantas (veja revisão em Chen, 2003). Estas séries temporais longas fornecem os melhores subsídios para estudos que efetivamente almejam avaliar os efeitos das mudanças climáticas sobre as comunidades biológicas. Em geral, os estudos demonstram um prolongamento na estação de crescimento em elevadas latitudes no hemisfério norte, sendo este o resultado esperado para as respostas das plantas frente ao aquecimento global.

Diferentes grupos taxonômicos podem responder de maneira distinta às alterações climáticas. Entretanto, artigos com múltiplos grupos biológicos foram pouco numerosos (16% dos artigos analisados, Figura 4).

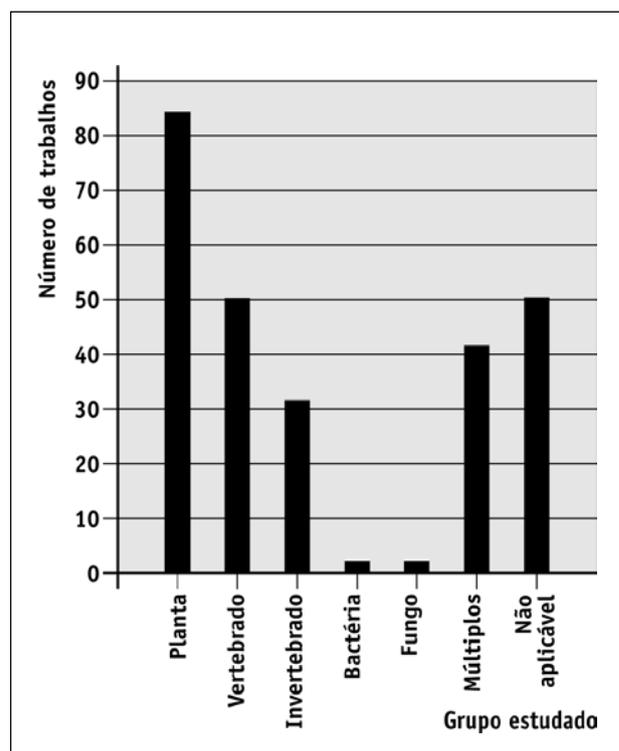


FIGURA 4 – Grupo taxonômico utilizado nos artigos selecionados pela busca. A categoria "não aplicável" inclui estudos nos quais os objetivos não contemplavam organismos e sim outras variáveis.

Ambientes estudados

Como esperado pelo resultado anterior (Figura 4), uma quantidade elevada de estudos foi conduzida em ambiente terrestre (75% dos artigos analisados; Figura 5). Provavelmente, isso também se deve a fatores históricos.

É provável que efeitos diretos do aquecimento global serão detectados especialmente em regiões de alta latitude e em regiões montanhosas (Sala *et al.*, 2000). Portanto, estudos em áreas polares e alpinos têm especial urgência (ver também Thuiller, 2007). Ambientes aquáticos também serão altamente afetados pelas mudanças climáticas (Verburg *et al.*, 2003). Isso acontecerá principalmente por efeitos sinérgicos do aquecimento global e da acidificação de corpos aquáticos (parcialmente causada por liberação de nitrogênio), o que poderá acarretar em grande perda de biodiversidade (Sala *et al.*, 2000). A despeito disso, poucos estudos foram conduzidos em ambientes marinhos (9% dos artigos analisados) ou em ambientes aquáticos continentais (9% dos artigos analisados, Figura 5).

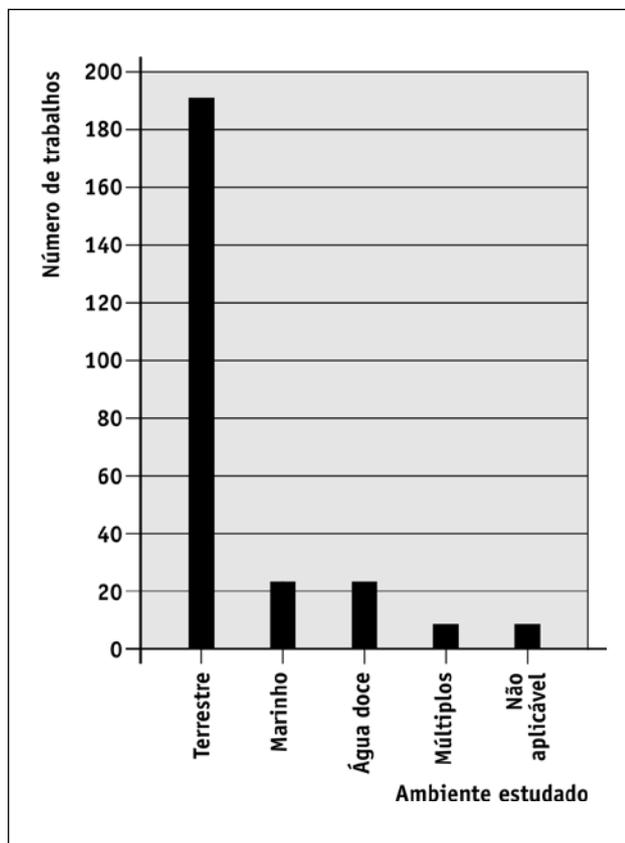


FIGURA 5 – Tipo de ambiente estudado nos artigos selecionados pela busca. A categoria "não aplicável" inclui estudos nos quais os objetivos não contemplavam ambientes naturais (por exemplo, simulações computacionais sem dados reais).

Escala e foco dos estudos

Apesar de Kerr *et al.* (2007) terem verificado que os estudos sobre os EMCB foram realizados com maior frequência em escalas locais, nós observamos que estes representaram apenas 22% do total analisado e, em geral, utilizaram uma abordagem experimental. A robustez dos resultados obtidos com essa abordagem é amplamente reconhecida pelos ecólogos. Experimentos em microcosmos também podem fornecer informações relevantes para o entendimento e solução dos problemas ecológicos globais (Benton *et al.*, 2007). No entanto, alguns pesquisadores não concordam inteiramente com essa idéia e afirmam que, a despeito da eliminação de várias fontes de ruídos, a aplicabilidade de resultados experimentais (obtidos em escala local) para a escala global pode ser limitada (e.g. Thuiller, 2007). Assim, a contribuição de outras áreas do conhecimento (e.g. macroecologia), como demonstrado em trabalhos recentes (Kerr *et al.*, 2007), é necessária.

No entanto, as pesquisas sobre os efeitos das mudanças climáticas ainda estão sendo realizadas com menor frequência em grandes escalas (19% dos artigos analisados). Os avanços recentes de métodos analíticos (Thuiller, 2003; ver também Tabela 4 em Elith *et al.*, 2006) e disponibilidade de grandes bases de dados (Graham *et al.*, 2004) podem facilitar a realização de inferências sólidas a partir de dados macroecológicos, contribuindo assim para o entendimento e para a solução de problemas globais (Kerr *et al.*, 2007; Kühn *et al.*, 2007). A despeito disso, a maior restrição para a realização de estudos em escala global ainda é imposta pela indisponibilidade ou dificuldade na obtenção de dados na escala das distribuições das espécies que, em geral, podem cobrir todo um continente (Whittaker *et al.*, 2005; Bini *et al.*, 2006).

A maioria das pesquisas foi realizada em escala regional (56% dos artigos analisados). Frequentemente, estudos regionais se referem a monitoramentos que utilizam dados em escala temporal, obtidos em uma determinada região ou tipo de ecossistema (por exemplo, recifes de corais na Austrália ou Caribe; Hoegh-Guldberg *et al.*, 2007) para testar os efeitos das mudanças climáticas sobre organismos, populações, comunidades ou processos ecossistêmicos.

Uma grande proporção dos 263 artigos analisados (i.e. que, de alguma maneira, avaliaram os efeitos de mudanças globais sobre organismos e/ou ecossistemas) teve como objetivo avaliar, efetivamente, os efeitos das mudanças climáticas sobre a perda de biodiversidade (32% dos artigos analisados, Figura 6). Além disso, 17% dos artigos avaliaram ou modelaram mudanças na área

de distribuição de organismos específicos frente às mudanças no clima. Somente essas duas categorias representam os estudos que, de fato, tiveram o objetivo de avaliar como as mudanças globais atuais podem afetar a biodiversidade. Entretanto, esses artigos somam apenas 127 dos 500 artigos obtidos em nossa análise, indicando que estudos com esses enfoques ainda são escassos na literatura.

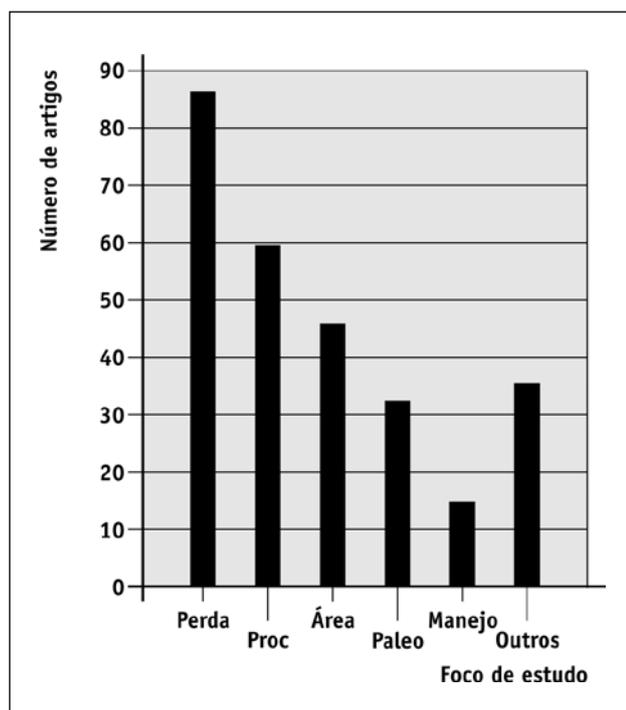


FIGURA 6 – Foco de estudo dos artigos selecionados pela busca. **Perda** = estudos que avaliaram efetivamente a perda de biodiversidade; **Proc** = estudos que avaliaram efeitos de mudanças climáticas sobre processos ecológicos; **Área** = estudos que avaliaram mudanças na área de distribuição dos organismos; **Paleo** = estudos que avaliaram efeitos de mudanças paleoclimáticas; **Manejo** = estudos que propunham manejo de atividades agrícolas, florestais e delineamento de reservas frente às mudanças climáticas; **Outros** = diversos outros focos de estudo (por exemplo, mudanças climáticas afetando interações bióticas ou dinâmicas populacionais).

A forma mais direta e operacional de avaliar os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade consiste na análise das alterações das áreas de distribuições das espécies (contração ou expansão). De acordo com essa abordagem, as distribuições atuais das espécies são correlacionadas com variáveis climáticas no intuito de determinar um envelope climático (que delimita o conjunto de condições ambientais que são teoricamente adequadas para a persistência das espécies). Posteriormente, os resultados de modelos de projeção

climática, de acordo com diferentes cenários futuros, são utilizados para verificar a redução, manutenção ou aumento das áreas que são adequadas para as espécies analisadas. Muito provavelmente, ocorrerá um aumento da frequência de utilização desses modelos tendo em vista a disponibilidade de ferramentas computacionais (muitas das quais gratuitas), de grandes bases de dados biológicos e, principalmente, pela sua atratividade conceitual para estudar o problema de EMCB. Assim, ressaltamos alguns aspectos que devem ser considerados pelos futuros usuários dessa abordagem.

A abordagem geral de “Modelos de Envelopes Bioclimáticos” (MEBs) apresenta várias restrições que, embora sejam reconhecidas pelos especialistas da área, devem ser analisadas cautelosamente com o objetivo de sistematizar um programa de pesquisas capaz de gerar previsões mais acuradas e confiáveis (Guisan & Thuiller, 2005; Botkin *et al.*, 2007). Primeiro, os MEBs não consideram explicitamente os efeitos das interações bióticas sobre as dinâmicas das distribuições das espécies (Hampe, 2004). Resultados recentes contradizem, no entanto, a visão amplamente aceita que os efeitos das interações bióticas sobre as distribuições das espécies não são detectáveis em escalas macroecológicas. Estes estudos indicam que evidências mais contundentes devem ser apresentadas para corroborar a idéia de que modelos puramente baseados no clima são suficientes para a previsão dos efeitos das mudanças climáticas sobre as distribuições das espécies (veja Thuiller *et al.*, 2005, 2006; Araújo & Luoto, 2007).

Segundo, as estimativas das taxas de extinção decorrentes das mudanças climáticas são, de fato, alarmantes (Malcom *et al.*, 2006). A contração das áreas geográficas com condições ambientais adequadas (definidas por envelopes climáticos) para a persistência das populações é um resultado crítico que indicaria ameaças de extinção. Os MEBs assumem implicitamente que as espécies não podem evoluir em resposta as mudanças climáticas (Hampe, 2004; Diniz-Filho & Bini, 2008). Embora respostas evolutivas tenham sido documentadas (principalmente em insetos), existem poucas evidências de que as magnitudes e os tipos de mudanças genéticas observadas são suficientes para prevenir as extinções previstas (Parmesan, 2006; Botkin *et al.*, 2007). No entanto, a adaptação deve ser considerada nessa análise uma vez que esse processo pode mitigar os impactos preditos (Skelly *et al.*, 2007).

Terceiro, os MEBs assumem que as distribuições observadas estão em equilíbrio com o ambiente atual (Araújo & Pearson, 2005) e que, dessa maneira, as espécies seriam extintas nas regiões que não apresentam

seus requerimentos (Botkin *et al.*, 2007). Como resultado desse pressuposto, os MEBs tenderiam a sobreestimar as taxas de extinção. Por outro lado, o pressuposto de dispersão ilimitada, presente em muitos modelos baseados na teoria do nicho, tenderia a subestimar as taxas de extinção (Araújo *et al.*, 2006).

Por último, a falta de validação dos MEBs é uma crítica frequente (Pearson & Dawson, 2003; Hampe, 2004; Araújo *et al.*, 2005b; Araújo & Guisan, 2006). De acordo com Botkin *et al.* (2007), as validações mais adequadas consistem na utilização de modelos parametrizados com dados atuais e que então são usados para reproduzir o passado (Martinez-Meyer *et al.*, 2004), no uso de um modelo ajustado a dados pretéritos para reproduzir o presente ou ainda, no uso de dados de uma região geográfica para desenvolver e calibrar um modelo que, posteriormente, é testado em uma outra área geográfica.

Em geral, a obtenção de dados sólidos de distribuições das espécies seria a melhor maneira de reduzir a influência dos fatores que restringem a aplicação dos modelos de predição dos efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade. No entanto, dificilmente será possível obter esses dados antes que os efeitos das mudanças globais afetem de modo irreversível a biodiversidade. Assim, a despeito das limitações, os MEBs e outras classes de modelos ainda são ferramentas importantes para a geração de cenários futuros que auxiliam o processo de tomadas de decisões que objetivam mitigar os efeitos das mudanças climáticas globais.

CONCLUSÕES

A abordagem de pesquisa automatizada que realizamos permite apenas averiguar aspectos gerais da atividade científica em uma determinada área. No entanto, os resultados indicam de modo inequívoco que a produção científica sobre os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade está crescendo rapidamente. Contudo, essa produção ainda é pequena quando comparada com a quantidade de estudos que investigam outras ameaças (e.g. perda de habitat e efeitos de espécies exóticas). A despeito do grande número de publicações que citaram os termos “mudanças climáticas” e “biodiversidade” (bem como suas variações), uma análise detalhada dos resumos dos últimos 500 artigos revelou que apenas 53% dos artigos (263 artigos) avaliaram os efeitos de mudanças globais sobre organismos e/ou ecossistemas e, desses, apenas 127 artigos efetivamente tiveram o objetivo de avaliar como as mudanças globais atuais podem afetar a biodiversidade (predizendo ou diagnosticando

alterações). Esse resultado pode indicar que outras áreas da ciência estão direcionando seus esforços de pesquisa para o tema e apenas utilizam os resultados obtidos pelas áreas de Ecologia e Ciências Ambientais em suas argumentações. Por outro lado, os resultados também indicam que apenas alguns poucos grupos de pesquisa lideram a atividade científica o que resulta em grandes lacunas geográficas no conhecimento sobre EMCB.

Provavelmente, em função da disponibilidade de grandes bases de dados biológicos - climatológicos e ferramentas computacionais gratuitas, os efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade serão estudados com maior frequência utilizando a estratégia de modelagem de envelopes bioclimáticos (ou modelos baseados na teoria do nicho) com o objetivo de realizar predições. Embora promissora, essa estratégia deve ser utilizada com cautela, considerando as diversas restrições que a caracteriza.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos aos Drs. José Maria Cardoso da Silva e José Alexandre Felizola Diniz Filho pelo convite para participar do simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil” (XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia). Nosso trabalho sobre MEBs é apoiado pelo projeto BIOIMPACTO (Fundação BBVA-Espanha & FUNAPE-UFG) para análise dos efeitos das mudanças climáticas sobre a biodiversidade na América Latina, coordenado pelo Dr. Miguel B. Araújo (MNCN-CSIC-Madri). LMB e TS são bolsistas de Produtividade e Doutorado do CNPq, respectivamente, e AAP é bolsista de doutorado da CAPES.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Araújo, M.B. & A. Guisan. 2006. Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography* 33: 1677-1688.
- Araújo, M.B. & C. Rahbek. 2006. How does climate change affect biodiversity? *Science* 313: 1396-1397.
- Araújo, M.B. & M. Luoto. 2007. The importance of biotic interactions for modelling species distributions under climate change. *Global Ecology and Biogeography* 16: 743-753.
- Araújo, M.B. & M. New. 2007. Ensemble forecasting of species distributions. *Trends in Ecology & Evolution* 22: 42-47.
- Araújo, M.B. & R.G. Pearson. 2005. Equilibrium of species' distributions with climate. *Ecography* 28: 693-695.
- Araújo, M.B., R.J. Whittaker, R.J. Ladle & M. Erhard. 2005a. Reducing uncertainty in projections of extinction risk from climate change. *Global Ecology and Biogeography* 14: 529-538.

- Araújo, M.B., R.G. Pearson, W. Thuiller & M. Erhard. 2005b. Validation of species-climate impact models under climate change. *Global Change Biology* 11: 1504-1513.
- Araújo, M.B., W. Thuiller & R.G. Pearson. 2006. Climate warming and the decline of amphibians and reptiles in Europe. *Journal of Biogeography* 33: 1712-1728.
- Benton, T.G., M. Solan, J.M.J. Travis & S.M. Sait. 2007. Microcosm experiments can inform global ecological problems. *Trends in Ecology and Evolution* 22: 516-521.
- Bini, L.M., J.A.F. Diniz-Filho, T.F.L.V. Rangel, R.P. Bastos & M.P. Pinto. 2006. Challenging Wallacean and Linnean shortfalls: knowledge gradients and conservation planning in a biodiversity hotspot. *Diversity and Distributions* 12: 475-482.
- Botkin, D.B., H. Saxe, M.B. Araújo, R. Betts, R.H.W. Bradshaw, T. Cedhagen, P. Chesson, T.P. Dawson, J.R. Etterson, D.P. Faith, S. Ferrier, A. Guisan, A.S. Hansen, D.W. Hilbert, C. Loehle, C. Margules, M. New, M.J. Sobel & D.R.B. Stockwell. 2007. Forecasting the effects of global warming on biodiversity. *Bioscience* 57: 227-236.
- Chen, X. 2003. East Asia. In: M.D. Schwartz (Ed.). *Phenology: An Integrative Environmental Science*. pp 11-25. Kluwer.
- Crane, D. 1969. Fashion in Science - Does it exist? *Social Problems* 16: 433-441.
- Diniz-Filho, J.A.F. & L.M. Bini. 2008. Macroecology, global change and the shadow of forgotten ancestors. *Global Ecology and Biogeography* 17: 11-17.
- Elith, J., H. Graham, P. Anderson, M. Dudik, S. Ferrier, A. Guisan, J. Hijmans, F. Huettmann, R. Leathwick, A. Lehmann, J. Li, G. Lohmann, A. Loiselle, G. Manion, C. Moritz, M. Nakamura, Y. Nakazawa, C.M. Overton, A. Townsend Peterson, J. Phillips, K. Richardson, R. Scachetti-Pereira, E. Schapire, J. Soberon, S. Williams, S. Wisz & E. Zimmermann. 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography* 29: 129-151.
- Graham, C.H., S. Ferrier, F. Huettmann, C. Moritz & A.T. Peterson. 2004. New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. *Trends in Ecology & Evolution* 19: 497-503.
- Guisan, A. & W. Thuiller. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters* 8: 993-1009.
- Hampe, A. 2004. Bioclimate envelope models: what they detect and what they hide. *Global Ecology and Biogeography* 13: 469-471.
- Hermes-Lima, M., N.C.F. Santos, A.C.R. Alencastro & S.T. Ferreira. 2007. Whither Latin America? *Trends and Challenges of Science in Latin America*. IUBMB Life 59: 199-210.
- Hoegh-Guldberg, O., P.J. Mumby, A.J. Hooten, R.S. Steneck, P. Greenfield, E. Gomez, C.D. Harvell, P.F. Sale, A.J. Edwards, K. Caldeira, N. Knowlton, C.M. Eakin, R. Iglesias-Prieto, N. Muthiga, R.H. Bradbury, A. Dubi & M.E. Hatzilios. 2007. Coral Reefs Under Rapid Climate Change and Ocean Acidification. *Science* 318: 1737-1742.
- Kerr, J.T., H.M. Kharouba, & D.J. Currie. 2007. The Macroecological Contribution to Global Change Solutions. *Science* 316: 1581-1584.
- Kühn, I., K. Bohning-Gaese, W. Cramer & S. Klotz. 2008. Macroecology meets global change research. *Global Ecology and Biogeography* 17: 3-4.
- Lawler, J.J., J.E. Aukema, J.B. Grant, B.S. Halpern, P. Kareiva, C.R. Nelson, K. Ohleth, J.D. Olden, M.A. Schlaepfer, B.R. Silliman & P. Zaradic. 2006. Conservation science: a 20-year report card. *Frontiers in Ecology and the Environment* 4: 473-480.
- Malcolm, J.R., C. Liu, R.P. Neilson, L. Hansen, & L. Hannah. 2006. Global warming and extinctions of endemic species from biodiversity hotspots. *Conservation Biology* 20: 538-548.
- Manly, B.F.J. 1994. *Multivariate Statistical Methods: A Primer*. Second Edition. Chapman & Hall. New York, USA.
- Manne, A. & R. Richels. 2004. US rejection of the Kyoto Protocol: the impact on compliance costs and CO2 emissions. *Energy Policy* 32: 447-454.
- Martinez-Meyer, E., A. Townsend Peterson & W.W. Hargrove. 2004. Ecological niches as stable distributional constraints on mammal species, with implications for Pleistocene extinctions and climate change projections for biodiversity. *Global Ecology and Biogeography* 13: 305-314.
- Parmesan, C. & G. Yohe. 2003. A globally coherent fingerprint of climate change impacts across natural systems. *Nature* 421: 37-42.
- Parmesan, C. 2006. Ecological and evolutionary responses to recent climate change. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 37: 637-669.
- Parmesan, C., N. Ryrholm, C. Stefanescu, J.K. Hill, C.D. Thomas, H. Descimon, B. Huntley, L. Kaila, J. Kullberg, T. Tammaru, W.J. Tennent, J.A. Thomas & M. Warren. 1999. Poleward shifts in geographical ranges of butterfly species associated with regional warming. *Nature* 399: 579-583.
- Pearson, R.G. & T.P. Dawson. 2003. Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Global Ecology and Biogeography* 12: 361-371.
- Perry, A.L., P.J. Low, J.R. Ellis & J.D. Reynolds. 2005. Climate change and distribution shifts in marine fishes. *Science* 308: 1912-1915.
- Real, L.A. & J.H. Brown. 1991. *Foundations of Ecology: Classic Papers with Commentaries*, 1st ed. The University of Chicago press, Chicago, Estados Unidos da América.
- Root, T.L., J.T. Price, K.R. Hall, S.H. Schneider, C. Rosenzweig & J.A. Pounds. 2003. Fingerprints of global warming on wild animals and plants. *Nature* 421: 57-60.
- Sala, O.E., S. Chapin, J.J. Armesto, 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.L. Poff, M.T. Sykes, B.H. Walker, M. Walker & D.H. Wall. 2000. Global biodiversity scenarios for the year 2100. *Science* 287: 1770-1774.
- Skelly, D.K., L.N. Joseph, H.P. Possingham, L.K. Freidenburg, T.J. Farrugia, M.T. Kinnison & A.P. Hendry. 2007. Evolutionary responses to climate change. *Conservation Biology* 21: 1353-1355.
- Thuiller, W., 2003. BIOMOD - optimizing predictions of species distributions and projecting potential future shifts under global change. *Global Change Biology* 9: 1353-1362.
- Thuiller, W., S. Lavorel, M.B. Araújo, M.T. Sykes & I.C. Prentice. 2005. Climate change threats to plant diversity in Europe. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 102: 8245-8250.

- Thuiller, W. 2007. Climate change and the ecologist. *Nature* 448: 550-552.
- Verbeek, A., K. Debackere, M. Luwel & E. Zimmermann 2002. Measuring progress and evolution in science and technology. I: the multiple uses of bibliometric indicators. *International Journal of Management Reviews* 4: 179-211.
- Verburg, P., R.E. Hecky & H. Kling. 2003. Ecological consequences of a century of warming in Lake Tanganyika. *Science* 301: 505-507.
- Vitousek, P.M. 1992. Global Environmental-Change - An Introduction. *Annual Review of Ecology and Systematics* 23: 1-14.
- Walther, G.R., E. Post, P. Convey, A. Menzel, C. Parmesan, T.J.C. Beebee, J.M. Fromentin, O. Hoegh-Guldberg & F. Bairlein. 2002. Ecological responses to recent climate change. *Nature* 416: 389-395.
- Walther, G.R., L. Hughes, P. Vitousek & N.C. Stenseth. 2005. Consensus on climate change. *Trends in Ecology & Evolution* 20: 648-649.
- Whittaker, R.J., M.B. Araújo, J. Paul, R.J. Ladle, J.E.M. Watson & K.J. Willis. 2005. Conservation Biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distributions* 11: 3-23.

Diferentes abordagens para a seleção de prioridades de conservação em um contexto macrogeográfico

RAFAEL D. LOYOLA¹ *
THOMAS M. LEWINSOHN²

¹ Laboratório de Ecologia Aplicada e Conservação, Departamento de Biologia Animal, ICB, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

² Departamento de Zoologia, IB, UNICAMP, Campinas, Brasil.

* e-mail: avispa@gmail.com

RESUMO

Diante da crise atual de biodiversidade, exercícios que selecionam grupos de espécies e áreas prioritárias para a conservação tornaram-se imprescindíveis. Por essa razão, estratégias aplicadas de conservação têm progredido desde esforços direcionados a espécies particulares até a avaliação de grupos taxonômicos inteiros em grande escala geográfica. Tais avaliações, por sua vez, ajudam a direcionar ações e investimentos financeiros em conservação. Atualmente há diferentes abordagens para a seleção de prioridades de conservação que vão desde o uso de grupos indicadores até o uso de diferentes algoritmos que buscam conjuntos ótimos de áreas que compõem uma rede de reservas em escala regional, continental ou global. Todas elas assentam-se sobre o arcabouço conceitual e teórico proposto pela Biogeografia da Conservação e pelo Planejamento Sistemático de Conservação. Nesse artigo, revemos algumas dessas abordagens e discutimos os diferentes métodos pelos quais as mesmas podem ser aplicadas. Apresentamos sugestões sobre como melhorar os exercícios de priorização atuais por meio da inclusão de características biológicas das espécies a serem conservadas, fornecendo exemplos de aplicação. Discutimos ainda como é possível melhorar as avaliações de risco de extinção, considerando não só informações em nível específico, mas também populacional. Sustentadas pelo conhecimento teórico, o uso de diferentes abordagens para a seleção de prioridades fornece-nos uma base científica fundamental para o delineamento de estratégias de conservação eficientes que farão parte de um processo muito mais complexo e interdisciplinar de negociação política e implementação.

ABSTRACT

We are on the verge of a major biodiversity crisis and therefore exercises that select particular species groups and areas for conservation became essential. For this reason, applied conservation strategies show a striking progression from endeavors targeted at single species or at individual sites, to the systematic assessment of entire taxa at large scales. These, in turn, inform wide-reaching

conservation policies, strategies and financial investments. Today, there are different approaches for the selection of conservation priorities ranging from indicator groups to the use of several algorithms to find optimal sets of areas to be included in a reserve network at regional, continental and global scales. All of these approaches reside on the theoretical and conceptual framework proposed by the Conservation Biogeography and the Systematic Conservation Planning. In this paper, we review some of these approaches and discuss the different methods by which they are attained. We propose how to enhance prioritization exercises by the inclusion of species biological traits, providing examples of its application. We also discuss how to improve extinction risk assessments by using not only information at species level but also at the population level. Underpinned by theoretical knowledge, the use of distinct approaches to priority-selection exercises provide us a fundamental scientific basis for designing efficient conservation strategies, which can contribute to a much more complex and interdisciplinary process of policy negotiation and implementation.

INTRODUÇÃO

“O último exemplar selvagem de ararinha-azul (*Cyanopsitta spixii*) pode estar morto. Há 55 dias os pesquisadores do Projeto Ararinha Azul, na Bahia, não têm contato visual com o animal, um macho que habita a região de Curaçá, nordeste do Estado. E há quase um mês ninguém tem informação sobre a ave... o que pode significar a sua extinção na natureza”. Essa notícia foi divulgada em 28 de novembro de 2000 pelo jornal Folha de São Paulo (matéria completa disponível em <http://www1.folha.uol.com.br/folha/ciencia/ult306u1307.shtml>). Em 2007, a lista oficial de espécies ameaçadas de extinção, publicada pela União Mundial para a Conservação (IUCN), classificou esta espécie como “Criticamente em Perigo (CR)” (IUCN, 2007). Segundo a IUCN, embora se tenha conhecimento de populações da espécie mantidas em cativeiro, o último indivíduo existente na natureza (isto é, em liberdade) desapareceu no final do ano 2000, e a espécie pode muito bem ter sido extinta, principalmente por capturas para tráfico e por perda de habitat. Entretanto, não se pode pressupor que esta espécie esteja “Extinta na Natureza (EW)” a menos que todas as áreas com seus habitats potenciais sejam extensivamente inventariadas. Qualquer população ainda existente é provavelmente muito pequena, e por essa razão a espécie pode ser atualmente referida como “Possivelmente Extinta na Natureza” (IUCN, 2007). Ainda assim, a Lista Nacional das Espécies da Fauna Brasileira Ameaçadas de Extinção classifica *C. spixii* como “Extinta na Natureza” (Machado *et al.*, 2005).

Dois questões aqui são extremamente relevantes: (1) não podemos classificar a Ararinha Azul como oficialmente extinta na natureza, pois ainda não inventariamos todas as áreas nas quais os habitats potenciais da espécie podem ocorrer. Quando isso será feito (se é que será feito)?

Ou seja, há um problema crucial proveniente de insuficiência amostral, falta de recursos financeiros e de pessoal que diz respeito à distribuição geográfica da espécie no Brasil e na América do Sul. (2) Por que existem duas listas oficiais de espécies ameaçadas, e por que as categorias de ameaça que estas listas empregam não são idênticas? Isso também será discutido no momento oportuno. Por agora, resta-nos avaliar o porquê de se encontrar taxas de extinção tão elevadas nos dias atuais e contextualizar tal situação frente a uma crise global de biodiversidade.

A CRISE ATUAL DE BIODIVERSIDADE

Estamos em uma fase crucial do desenvolvimento de estratégias e teorias em conservação (Whittaker *et al.*, 2005). Reconhecemos que a diversidade de vida na Terra, incluindo a diversidade genética, específica e ecossistêmica, é uma herança inestimável e insubstituível, além de crucial para o bem-estar humano e para o desenvolvimento sustentável (Loreau *et al.*, 2006). Reconhecemos também que estamos diante de uma grande crise de biodiversidade e que esta vem sendo ameaçada em escala global: espécies vêm sendo extintas a taxas extremamente elevadas (Lawton & May, 1995). A diversidade, em suas distintas escalas, está em declínio acentuado e há um número imenso de populações e espécies que provavelmente serão extintas ainda este século (Loreau *et al.*, 2006).

Dentre os diversos propulsores desta crise atual, a destruição de habitats (especialmente em florestas tropicais, ecossistemas de água doce e costeiros), introdução de espécies exóticas, sobreexploração de espécies e recursos naturais (p. ex., sobrepesca marinha), poluição, e mudanças climáticas globais, que hoje estão no centro

das atenções, são as maiores ameaças à biodiversidade. Tudo isso advém do crescimento insustentável da população humana mundial associada à produção, consumo e mercado financeiro necessários à manutenção de tal população (Loreau *et al.*, 2006). Como resultado destes fatores, aproximadamente 12% de todas as espécies de aves, 23% de todos os mamíferos, 32% de todos os anfíbios, e cerca de 50% de todas as plantas estão atualmente ameaçadas de extinção (IUCN, 2007). Além disso, os efeitos esperados por mudanças climáticas devem colocar ca. 15 a 37% das espécies restantes à beira da extinção dentro dos próximos 50 anos (Thomas *et al.*, 2004).

A perda de biodiversidade é, portanto, um fenômeno global que atua em diferentes escalas e que demanda ações de conservação em nível internacional (Cardillo *et al.*, 2006). Consequentemente, análises voltadas para planejamento de conservação têm progredido de esforços centrados em espécies individuais (como o Mico-Leão Dourado) ou locais específicos (como a Mata Atlântica) para avaliações sistemáticas de grupos taxonômicos inteiros (p.ex. vertebrados terrestres) em escala regional ou global (Mace *et al.*, 2007). Durante a última década, diversas organizações não governamentais (ONGs) internacionais desenvolveram exercícios de priorização de áreas em escala regionais ou continentais e, especialmente, na escala global (p. ex., Olson & Dinerstein, 2002; Mittermeier *et al.*, 2004) com o intuito de direcionar e priorizar a alocação de investimentos em conservação (Myers & Mittermeier, 2003). Tais exercícios resultam de análises de natureza essencialmente biogeográfica e vêm exercendo grande influência na organização e priorização de esforços de conservação (Myers & Mittermeier, 2003). Todavia, embora a biogeografia tenha exercido um papel fundamental junto com outros sub-campos da biologia como o da conservação da biodiversidade, sua aplicação na solução de problemas propostos pela Biologia da Conservação ainda é incipiente. Como passo fundamental em direção a uma aplicação mais proeminente, Whittaker *et al.* (2005) propuseram a definição do campo de conhecimento denominado Biogeografia da Conservação.

BIOGEOGRAFIA DA CONSERVAÇÃO: ARCABOUÇO CONCEITUAL E TEÓRICO

A Biogeografia da Conservação é definida como “a aplicação de princípios, teorias e análises biogeográficas concernentes à dinâmica de distribuição de grupos taxonômicos individuais ou combinados, para a solução de problemas da conservação da biodiversidade” (Whittaker *et al.*, 2005). Assim sendo, a Biogeografia da

Conservação integra o arcabouço teórico e conceitual da Biogeografia com o da Biologia da Conservação.

A Biogeografia é o estudo, em todas as escalas de análise possíveis, da distribuição das espécies no espaço e como, ao longo do tempo, esta é/foi alterada. Uma de suas maiores preocupações tem sido a distribuição e dinâmica espacial da diversidade, normalmente abordada simplesmente por meio do número de espécies, ou proporção de espécies endêmicas (Lomolino *et al.*, 2004; Whittaker *et al.*, 2005).

A Biologia da Conservação, por outro lado, é um campo de pesquisa aplicado que pretende subsidiar decisões de manejo relacionadas à conservação da natureza. Como tal, suas raízes estão intimamente associadas ao desenvolvimento de análises e teorias de conservação do século XX. Trata-se de um campo extenso cuja fundamentação teórica pode ser dividida de acordo com a escala de aplicação de seus estudos (Whittaker *et al.*, 2005). Assim há (1) o desenvolvimento e a avaliação de teorias ecológicas diretamente relacionadas aos processos populacionais (sejam eles genéticos ou ecológicos), e que geraram estudos sobre populações minimamente viáveis, sobre a influência competitiva de espécies invasoras, depressão endogâmica em populações pequenas, espirais de extinção, ecologia comportamental, etc.; (2) teorias relacionadas a processos que ocorrem em escala local e de paisagem, incluindo todas as derivações provenientes da Teoria de Biogeografia de Ilhas como, por exemplo, a teoria de metapopulações, corredores de habitat, ou o debate sobre número e tamanho ideais de reservas naturais (conhecido como SLOSS); e, finalmente, (3) aplicações em uma escala ainda maior, associadas ao mapeamento e modelagem de padrões biogeográficos – o que necessariamente remete à biogeografia histórica e a explicações geográficas para os padrões de distribuição de espécies e especiação na natureza (Lomolino *et al.*, 2004, Whittaker *et al.*, 2005).

Portanto, a Biogeografia de Conservação, isto é, a aplicação da Biogeografia aos problemas enfrentados pela Biologia da Conservação, é um campo de conhecimento ainda em desenvolvimento, mas que oferece desafios intelectuais e é, ao mesmo tempo, de grande relevância social (Whittaker *et al.*, 2005) – na medida em que a sociedade deve fazer parte dos processos de implantação de medidas conservacionistas. A fundamentação teórica deste artigo tem como base o arcabouço teórico que abarca a Biogeografia da Conservação e, mais especificamente, aquele relacionado ao planejamento de conservação e suas aplicações práticas como instrumento científico para a definição de prioridades de conservação em grande escala.

PRIORIZAÇÃO DE ESPÉCIES E ÁREAS PARA A CONSERVAÇÃO

O principal objetivo das estratégias de conservação da biodiversidade em grande escala não é propriamente o de selecionar áreas para a criação de reservas, mas identificar áreas com alto valor de conservação que sejam significativas em um contexto global, continental ou regional (Moore *et al.*, 2003). Uma vez identificadas, avaliações de conservação mais detalhadas devem então ser direcionadas a estas áreas (Brooks *et al.*, 2001). Na verdade, a falta de informação sobre onde concentrar esforços de conservação é um dos maiores obstáculos a ser transposto pela conservação da biodiversidade tropical (Howard *et al.*, 1998, Loyola *et al.*, 2007).

O uso de grupos indicadores

Uma abordagem frequentemente adotada para a identificação de áreas prioritárias para a conservação é o uso de subconjuntos de espécies como um indicador substitutivo da presença (*surrogates*) de todas as espécies (Gaston, 1996). Isto é, trata-se de concentrar as estratégias em grupos indicadores bem avaliados, os quais são constituídos por aquelas espécies pertencentes a grupos taxonômicos relativamente ricos, e que são capazes de representar a biodiversidade como um todo – portanto, sua distribuição geográfica prediz a importância geral da biodiversidade das áreas a serem conservadas (Loyola *et al.*, 2007). De maneira geral, grupos indicadores serão eficientes se o padrão de distribuição geográfica de outros subconjuntos de espécies for coincidente com o seu (Moore *et al.*, 2003). Em outras palavras, um bom grupo indicador é aquele cuja distribuição geográfica coincide espacialmente com distribuição dos demais grupos que compõem o pool de espécies de uma determinada região (Gaston, 1996; Flather *et al.*, 1997; Virolainen *et al.*, 2000).

Até o momento, apenas alguns estudos realizados em ampla escala avaliaram a qualidade da representação da biodiversidade baseada em grupos indicadores. Nos trópicos, a alta diversidade biológica, junto com a limitação de recursos financeiros para seu estudo, torna o uso de grupos indicadores uma abordagem ainda mais atraente (Howard *et al.*, 1998). Resultados de alguns estudos realizados em escala global ou continental sugerem uma forte correlação entre riqueza de espécies e endemismo (p. ex., Pearson & Carroll, 1999), ao passo que outros estudos não apóiam tal relação (Flather *et al.*, 1997; Orme *et al.*, 2005; Loyola *et al.*, 2007). Essa discrepância de resultados ocorre, em

parte, devido aos padrões de diversidade beta exibido pelo pool de espécies como um todo e por aquele composto apenas por espécies endêmicas (Loyola *et al.*, 2007).

Na verdade, a correlação entre a riqueza de espécies de diferentes grupos taxonômicos *per se* não é suficiente para determinar a eficiência de um único grupo (p.ex. aves) para apontar o valor de conservação de diferentes áreas – no entanto, este é a principal fundamentação atual para adotar ou propor determinados grupos como indicadores substitutos da diversidade biótica total (Gaston, 1996; Flather *et al.*, 1997). O valor de conservação pode ser medido, por exemplo, por meio da representação geral de espécies, insubstitutividade das áreas ou complementaridade de conjuntos de áreas (Loyola *et al.*, 2007). Portanto, uma avaliação mais apropriada é determinar em que medida conjuntos de regiões prioritárias selecionadas a partir de um único grupo indicador são capazes de representar também a diversidade de outros grupos taxonômicos (Howard *et al.*, 1998; Moore *et al.*, 2003; Mace *et al.*, 2007). A eficiência dos grupos indicadores pode ser avaliada observando a eficiência de representação da diversidade total em conjuntos prioritários, identificados com base nos grupos indicadores, em comparação com outros conjuntos prioritários gerados por meio de uma seleção aleatória de regiões (Moore *et al.*, 2003). Isso representa uma medida de sua utilidade em guiar decisões de conservação (Loyola *et al.*, 2007).

Para exemplificar a importância de avaliar a eficiência de diferentes grupos como indicadores substitutos, em um estudo realizado em Uganda, Howard *et al.* (1998) concluíram que diferentes grupos taxonômicos exibem padrões biogeográficos similares e, portanto, formações florestais que sejam prioritárias para um único grupo, representam coletivamente áreas importantes também para outros grupos. Tais resultados reforçam a necessidade de considerar as correlações entre taxa (e não somente a sua riqueza) ao avaliar indicadores potenciais para a seleção de reservas naturais. Em outro estudo feito em escala global, Lamoreux *et al.* (2006) demonstraram que os padrões espaciais de riqueza estão altamente correlacionados entre anfíbios, répteis, aves e mamíferos. O mesmo foi observado para os padrões de endemismo. Além disso, estes autores mostraram que, embora a correlação entre riqueza e endemismo de vertebrados terrestres seja baixa, regiões com alto endemismo ainda assim possuem significativamente mais espécies do que a mesma correlação em regiões aleatoriamente selecionadas. No Brasil, Loyola *et al.* (2007) demonstraram

recentemente que utilizar vertebrados endêmicos (especialmente as aves endêmicas) como grupos indicadores substitutos para a conservação de outros *taxa* em escala regional ajuda a focar os esforços de conservação em regiões críticas (Howard *et al.*, 1998, Moore *et al.*, 2003). Ou seja, selecionar ecorregiões brasileiras com base em grupos indicadores eficientes, fornece um ponto de partida para avaliações mais rápidas sobre prioridades de conservação dentro de limites nacionais ou regionais (Loyola *et al.*, 2007).

O planejamento de conservação

Ao passarmos de uma abordagem baseada em grupos indicadores para procedimentos mais diretos na seleção de áreas prioritárias para a conservação, aproximamo-nos mais do que hoje se define como planejamento sistemático de conservação: o processo dedicado à identificação de novas áreas prioritárias para a conservação e a mensuração dos níveis de proteção existentes (Margules & Sarkar, 2007). O planejamento sistemático de conservação destaca-se entre muitas outras técnicas como uma ferramenta eficiente proposta para maximizar a conservação de elementos importantes em uma rede de áreas protegidas (Smith *et al.*, 2006). Trata-se de um processo guiado por alvos bem estabelecidos e utilizado para delinear (“design”) sistemas de reservas naturais. Essa abordagem envolve uma série de etapas que devem ser cumpridas a fim de que (1) se estabeleçam amplas metas de conservação para uma região específica, (2) sejam mapeados grupos de espécies ou regiões com alto valor de conservação, (3) sejam identificadas onde as áreas de conservação devem ser estabelecidas a fim de que se alcancem as metas propostas, e (4) desenvolva-se uma estratégia de implantação para que se alcancem os resultados esperados (Margules & Pressey, 2000).

Algoritmos para a identificação de áreas prioritárias

Estratégias de conservação baseada na seleção de regiões prioritárias geralmente incluem como um de seus critérios-alvo a minimização da área total de uma determinada rede de reservas, muito embora uma gama de outros critérios (tais como o nível de ameaça de espécies, ou a condição de conservação ou risco iminente das regiões avaliadas) possa também ser utilizada (Smith *et al.*, 2006). De qualquer maneira, o critério mais importante para identificar e delinear redes de reservas deve ser o de atingir uma representação máxima de biodiversidade com o menor custo possível (Pressey *et al.*, 1996; Margules & Pressey, 2000). Esse processo normalmente envolve o uso de programas

específicos de computador que identificam soluções quase-ótimas (expressas como redes de reservas) que representam bem os alvos predefinidos, tais como o número de espécies desejadas a porcentagem de habitats nativos desejado. Atualmente, tais técnicas de planejamento são consideradas as mais apropriadas para o desenho de redes de áreas protegidas (Pressey & Cowling, 2001; Margules & Sarkar, 2007).

Para trazer flexibilidade ao processo de seleção de áreas para a conservação é essencial que sejam identificados diferentes conjuntos de áreas importantes, isto é, que se crie alternativas aos conjuntos de áreas prioritárias (Pressey *et al.*, 1996). Diversos métodos ou algoritmos foram desenvolvidos para criar um sistema de reservas que maximize a representação da biodiversidade em uma determinada região (para uma revisão, veja Cabeza & Moilanen, 2001). Hoje em dia, a maneira mais eficiente de decidir que conjunto de áreas engloba a representação mais inclusiva das espécies de uma região particular é utilizar algoritmos iterativos baseados em complementaridade de alguma medida de interesse, geralmente a riqueza total de espécies do táxon considerado (Pressey *et al.*, 1996; Reyers *et al.*, 2000). Tal abordagem é relativamente simples e maximiza o ganho de espécies na menor área possível (Csuti *et al.*, 1997; Reyers *et al.*, 2000). Embora se presume que, em geral, áreas menores correspondem a custos menores, isto não é necessariamente verdadeiro (veja abaixo).

De forma resumida, os algoritmos de priorização de área podem ser divididos em dois tipos básicos: os heurísticos (mais simples) e os meta-heurísticos ou quase-ótimos (mais complexos). Os heurísticos, como o bastante conhecido algoritmo “*greedy*” (“ganancioso”), levam em consideração apenas a representação de espécies, para um alvo de conservação predeterminado (p. ex., cada espécie deve ocorrer em pelo menos uma das áreas candidatas à prioritárias; ou então, pelo menos 80% de todas as espécies devem fazer parte das áreas mais importantes) (Cabeza & Moilanen, 2001, Sarkar *et al.*, 2006; Vanderkam *et al.*, 2007). O que este algoritmo faz é iniciar um conjunto prioritário com a região mais rica em espécies dentre todas as disponíveis. Em seguida, é acrescentada a região que contém o maior número de espécies não existentes na primeira. Logo, busca-se uma terceira região que contenha o maior número possível de espécies que não ocorrem no conjunto das duas primeiras regiões, e assim sucessivamente. Esse algoritmo incorpora, implicitamente, o princípio da complementaridade, por meio do qual se busca a máxima diversidade beta na

menor área possível (Pressey *et al.*, 1996). A principal vantagem desse método de seleção de áreas é que sua lógica é muito simples. Além disto, ao se refazer a análise, deve-se chegar sempre ao mesmo conjunto prioritário, uma vez que por este algoritmo alcança-se o menor conjunto possível, isto é, uma única solução para o problema de se encontrar áreas mais importantes baseadas na representação de espécies. Isso torna o processo inteligível e facilmente explicável àqueles que não lidam diretamente com análises desse tipo, sendo, portanto, o método mais apropriado para uso em esferas externas ao meio acadêmico e à Biologia da Conservação: tomadores de decisão, políticos, gestores com outra formação técnica, etc.

Os algoritmos meta-heurísticos trabalham com uma lógica diferente para a identificação de áreas prioritárias. Esses algoritmos não chegam a uma só solução (um conjunto prioritário), mas simulam vários conjuntos “ótimos” e sobrepõem todos eles com o intuito de encontrar uma solução consensual, e, portanto, realmente ótima ou quase-ótima, como tem-se discutido na literatura (Sarkar *et al.*, 2006; Smith *et al.*, 2006; Vanderkam *et al.*, 2007; Margules & Sarkar, 2007). Isso é possível porque não se trabalha com uma só sequência de acréscimo de regiões; em vez disto, diversas possibilidades são geradas por meio de simulações computacionais. Essas análises, teoricamente, trazem mais confiança para o conjunto prioritário final (Vanderkam *et al.*, 2007). Outra vantagem importante desses algoritmos é a possibilidade de se incluir restrições (tais como custos) nas análises e, portanto, no delineamento dos conjuntos prioritários (Andelman *et al.*, 1999; Possingham *et al.*, 2000, Sarkar *et al.*, 2006). Por exemplo, é possível procurar conjuntos mínimos em que a extensão da área total funcione como uma “penalidade” aplicada a todas as soluções geradas. Dessa forma, soluções finais com área total muito extensa seriam mais caras em termos de implantação e, portanto, relegadas perante outros conjuntos com menor área total, e, por isso mesmo, com menor custo.

No exemplo acima, a área total é apenas uma das variáveis que pode ser usada como restrição; diversas outras (p. ex., nível de ameaça das espécies, grau de impacto humano das regiões, características ecológicas ou evolutivas das espécies) podem ser incluídas no modelo de priorização, embora isso raramente tenha sido feito por enquanto (mas veja, como exemplo, Strange *et al.*, 2006; Copeland *et al.*, 2007; Loyola *et al.*, 2008a, b). A grande desvantagem dos algoritmos meta-heurísticos é que eles são pouco intuitivos e são

necessárias diversas etapas com escolhas até certo ponto arbitrárias de variáveis e dos valores que lhes são atribuídos, bem como dos alvos definidos em cada modelo. Esse problema foi chamado de “efeito caixa-preta” (Vanderkam *et al.*, 2007): após inserir diversos parâmetros em um modelo, o programa gera literalmente milhões de simulações e oferece um resultado ótimo – sacrificando, no processo, a transparência do processo de priorização (Sarkar *et al.*, 2006).

Alguns autores sugerem que algoritmos heurísticos não podem garantir resultados ótimos (maior representação na menor área possível) assim como também não são capazes de informar o grau de sub-otimização da solução, isto é, do conjunto prioritário identificado (Pressey *et al.*, 1996; Sarkar *et al.*, 2006; Vanderkam *et al.*, 2007). De qualquer forma, os algoritmos heurísticos parecem ser ainda eficientes, dado que suas soluções não parecem ser substancialmente piores que aquelas obtidas por algoritmos ótimos (Vanderkam *et al.*, 2007), embora alguns autores insistam nessa diferença (p. ex., Pressey *et al.*, 1996). Além disso, certo grau de sub-otimização parece não ser um problema real na prática, uma vez que outros fatores políticos e ecológicos influenciam nas decisões sobre a alocação real de reservas (Pressey *et al.*, 1996; Pressey & Cowling, 2001; Vanderkam *et al.*, 2007). Ainda assim, por sua maior rigorosidade e possibilidade de inclusão de restrições importantes em práticas de conservação, os algoritmos meta-heurísticos (em especial o denominado *simulated annealing*) têm sido mais amplamente usados no planejamento sistemático de conservação.

Uma questão de escala

Aparentemente, a eficiência de um ou outro método pode ser muito dependente da escala de trabalho envolvida. Quando as unidades geográficas de estudo estão em uma escala regional (na qual as unidades avaliadas são ecorregiões, ou tipos de vegetação) a diferença no número de regiões prioritárias em uma solução ótima ou sub-ótima pode ser, até certo ponto, relevada, pois essas regiões não funcionam como unidades de conservação a serem realmente implantadas. Em vez disto, essas soluções apenas indicam onde os esforços de conservação devem ser concentrados (Loyola *et al.*, 2007). Por outro lado, em escala ainda menor, como a utilizada no delineamento de reservas naturais, algoritmos mais complexos podem ser mais informativos e criteriosos, em função da incorporação outras variáveis econômicas ou socioambientais envolvidas (tais como uso de solo, preço de terra, ocupação humana, veja Whittaker *et al.*, 2005).

Ainda hoje, nosso conhecimento sobre a biodiversidade permanece inadequado, sendo afetado por problemas conhecidos como déficits Linneano e Wallaceano (Lomolino *et al.*, 2004, Whittaker *et al.*, 2005). O déficit Linneano refere-se ao fato de que da maioria das espécies encontradas no planeta ainda não está formalmente reconhecida e descrita, ao passo que o déficit Wallaceano sinaliza que, para a maioria dos grupos taxonômicos, as distribuições geográficas são pouco conhecidas e possuem inúmeras lacunas (Bini *et al.*, 2006). Ambos estes problemas são dependentes de escalas espaciais ou de tempo – tanto evolutiva, quanto ecológica – em que se realiza uma análise (Whittaker *et al.*, 2005). A propósito da questão da escala de estudo, deve-se destacar que, atualmente, a maioria das análises de priorização emprega como unidades geográficas padrão *grids* com área total padronizada (frequentemente, 1° latitude x 1° longitude). Diversas ferramentas de análise foram desenvolvidas com base nesse tipo de unidade, como os programas *SITES* (Andelman *et al.*, 1999; Possingham *et al.*, 2000), *C-Plan* (Anônimo, 2001), *MARXAN* (Ball & Possingham, 2000), *CLUZ* (Smith, 2004), entre outros. Estas ferramentas são especialmente úteis dentro de regiões com menor extensão, mas um de seus principais problemas é que requerem uma alta densidade e cobertura de registros de ocorrência de espécies nas células que compõem estes *grids* (Lamoreux *et al.*, 2006) e são extremamente sensíveis a deficiências na qualidade dos dados (Flather *et al.*, 1997; Araújo, 2004; Loyola *et al.*, 2008a, Loyola *et al.* 2009a). Isto se torna especialmente problemático na região Neotropical, pois registros de espécies nesta região são muito esparsos e altamente desiguais (Brooks *et al.*, 2006), com áreas muito bem inventariadas e outras com grande deficiência de dados – um grande déficit Wallaceano. Nesse caso, análises baseadas em *grids* são menos eficientes, principalmente em escala continental (Kress *et al.*, 1998). Além disso, exercícios de priorização são também dependentes de escala (Brooks *et al.*, 2006).

Uma maneira de superar ou contornar a falta de dados de campo é sua substituição por distribuições geográficas esperadas das espécies, obtida por modelagem preditiva (Bini *et al.*, 2006, Urbina-Cardona & Loyola 2008). Mas isso, obviamente, é um paliativo à obtenção de dados reais de distribuição geográfica de espécies, porque expõe as análises de priorização de áreas, além de seus próprios problemas, aos pressupostos e erros potenciais dos métodos de modelagem de distribuição de espécies (Guisan *et al.*, 2006; Araújo & Guisan, 2006; Meynard & Quinn, 2007).

Ecorregiões como unidades geográficas

Outro problema associado à priorização de áreas baseadas em *grids* fixos (como as células de 1° de latitude e longitude) é que tais unidades geográficas não refletem nenhum tipo de característica ecológica ou divisão política das áreas. Assim, em um mesmo *grid* é possível encontrar comunidades ecológicas muito díspares (p. ex., formações vegetais distintas) e fronteiras políticas (limites entre estados ou países) nas quais a integração necessária a uma estratégia de conservação eficiente é inviável. O problema cresce à medida que as células unitárias são maiores, como as que têm de ser usadas para regiões com dados muito escassos. Esse problema não acontece quando se usa regiões delimitadas por critérios ecológicos, como as ecorregiões (Olson *et al.*, 2001). Ecorregiões são unidades geográficas delimitadas por similaridade de fauna e flora – suas fronteiras tentam refletir a distribuição real das comunidades no espaço geográfico (Olson *et al.*, 2001). Tais unidades geográficas são atualmente utilizadas em programas de conservação propostos pela *The Nature Conservancy* (Groves, 2003), pelo Fundo Mundial para a Conservação da Natureza (WWF) em associação com o Banco Mundial (Olson *et al.*, 2001, 2002; Olson & Dinerstein, 2002; WWF 2006), pelo *Global Environment Facility* (GEF), e no delineamento das áreas prioritárias (*Hotspots*) e das grandes áreas naturais (*Wilderness areas*) propostos pela Conservação Internacional (Mittermeier *et al.*, 2003, 2004). Ecorregiões têm também influenciado decisões governamentais relacionadas ao manejo de recursos naturais (veja Loyola *et al.*, 2007, 2008a, b, 2009a).

Uma vez que a maioria das decisões em políticas públicas é tomada por países individualmente, ou seja, dentro de suas fronteiras nacionais, ecorregiões podem funcionar como as maiores unidades geográficas operacionais nas quais as decisões podem ser realmente tomadas e implantadas. Não obstante, essas unidades apenas recentemente passaram a receber mais atenção em exercícios de avaliação (veja Lamoreux *et al.*, 2006).

PARA ALÉM DA CONTAGEM E REPRESENTAÇÃO DE ESPÉCIES

Programas e análises de priorização para a conservação de espécies normalmente enfatizam áreas com grande riqueza de espécies ou altos níveis de endemismo nas quais diversas espécies encontram-se sob risco iminente de extinção, ou onde a perda de habitat já ocorreu ou é intensa (Stattersfield *et al.*, 1998; Olson & Dinerstein, 2002; Mittermeier *et al.*, 2004;

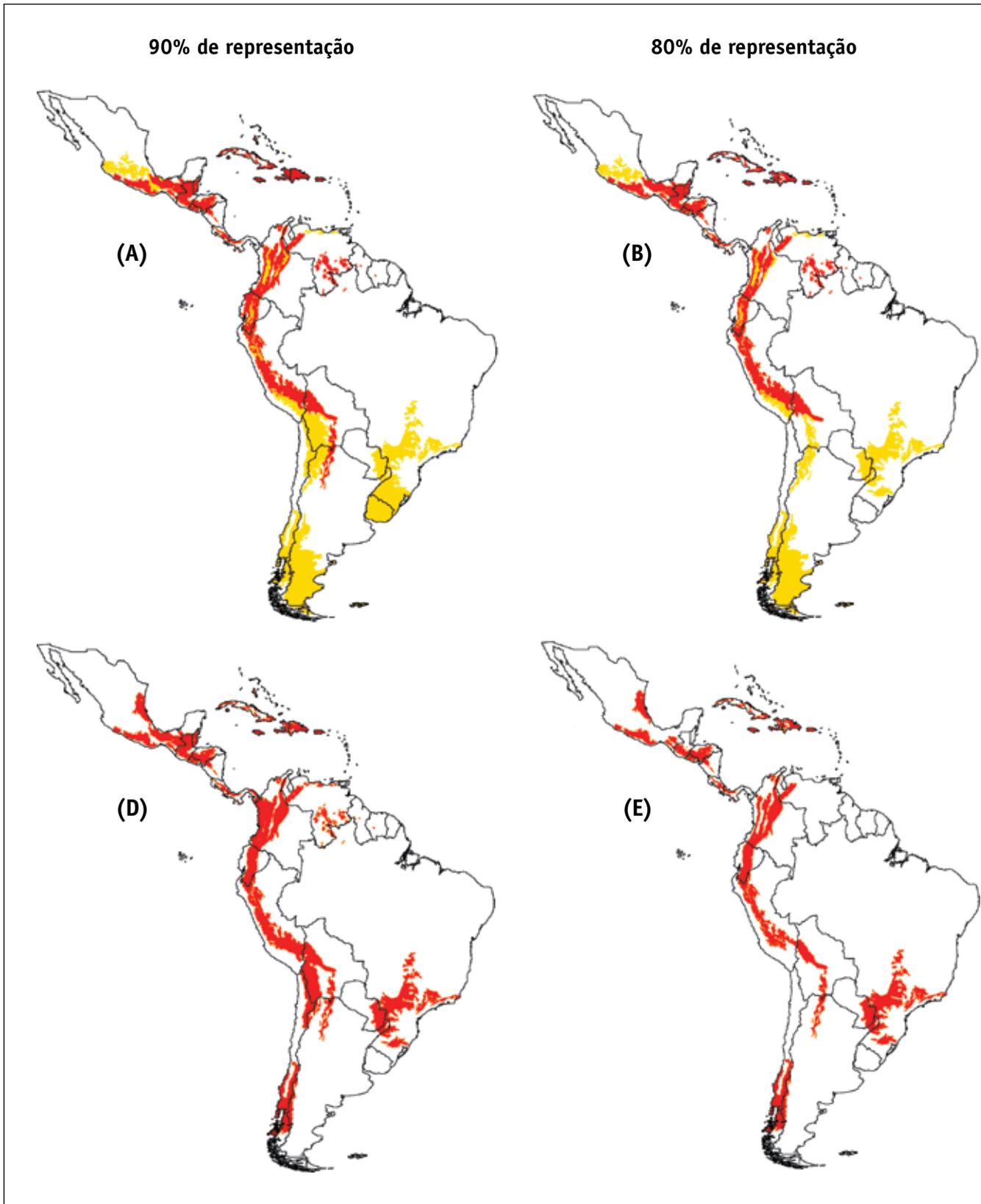
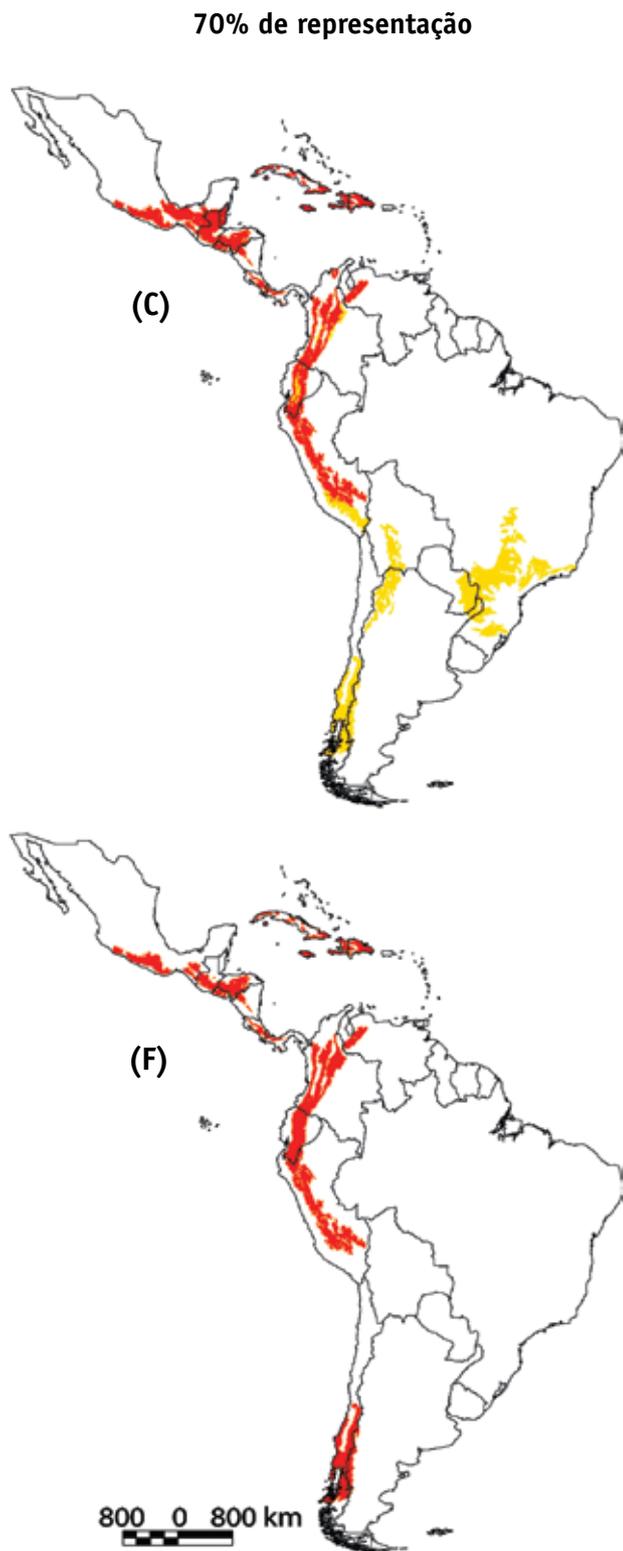


FIGURA 1 – Em A-C, mostram-se conjuntos mínimos de ecorregiões necessárias para a representação de espécies com diferentes modos reprodutivos: tanto aquelas com fase larval aquática (em amarelo) quanto as com desenvolvimento terrestre (em vermelho), sob diferentes níveis de corte de representação de espécies (90, 80 e 70%). Ecorregiões prioritárias para espécies com ambos os modos reprodutivos são representadas em cor de laranja. Em D-F, mostram-se conjuntos mínimos necessários para a representação de anuros sob diferentes níveis de



corte de representação de espécies (90, 80 e 70%). Nesse caso, os modos reprodutivos não foram incluídos nas análises. Note a perda progressiva de regiões prioritárias para espécies cuja ontogenia inclui uma fase larval aquática. Adaptado de Loyola *et al.* (2008a).

Cardillo *et al.*, 2006). Esta é, no entanto, uma abordagem emergencial que corresponde à necessidade de minimizar a perda de biodiversidade em regiões onde perturbações antrópicas severas dos habitats naturais já ocorreram ou estão ocorrendo (Cardillo *et al.*, 2006). Todavia, devido às altas taxas de perda e degradação de habitats e ao aumento dos impactos causados por populações humanas, torna-se igualmente importante a identificação de áreas nas quais os impactos humanos podem ser atualmente pequenos, mas o risco futuro de perda de espécies é alto (Loyola *et al.*, 2008b, 2009b). A identificação dessas áreas pode ser feita por meio da inclusão – no processo de seleção de áreas – de outros atributos que vão além da contagem e da representação de espécies, sejam elas endêmicas ou ameaçadas. Tais atributos podem ser (1) características ecológicas das espécies (p. ex., densidade populacional, risco de extinção), características de história de vida (como modos reprodutivos, tempo de gestação, tamanho de ninhada), assim como características evolutivas (p. ex., diversidade filogenética, tamanho corporal, tamanho da área de distribuição geográfica) (Cardillo *et al.*, 2006, Loyola *et al.*, 2008a, b), ou (2) características inerentes às próprias regiões potencialmente prioritárias: nível de impacto humano, preço de terra, integridade da paisagem, padrão de uso de solo, custo de implementação de áreas, etc. (Strange *et al.*, 2006, Copeland *et al.*, 2007, Loyola *et al.*, 2008b, 2009b).

Em um trabalho local, Copeland *et al.* (2007) utilizaram áreas de conservação já estabelecidas no estado do Wyoming (EUA) para identificar áreas mais importantes para a conservação em relação a sua vulnerabilidade potencial, e, a partir daí, avaliaram os prováveis custos de conservação nestas áreas. Como medida de risco futuro, os autores utilizaram taxas de uso de terra que vêm gerando impactos na região. Assim, foi associado o custo de conservação à vulnerabilidade das áreas, de maneira que áreas mais vulneráveis fossem mais dispendiosas para a conservação na prática. Os autores mostraram que o custo monetário necessário para reverter os impactos associados a ameaças futuras em todas as áreas com baixa vulnerabilidade (~ 650.000 ha), cobriria apenas 5% da área total (~ 121.000 ha) necessária para a conservação eficiente de regiões altamente vulneráveis. Estudos como estes podem auxiliar na implementação de ações conservacionistas, por propor uma metodologia que inclui estimativas de custo monetário associadas à urgência de intervenção nas áreas selecionadas. Isso, teoricamente, pode ser aplicado em qualquer escala espacial, inclusive por instituições que desenvolvem e implementam programas de conservação (Copeland *et al.* 2007).

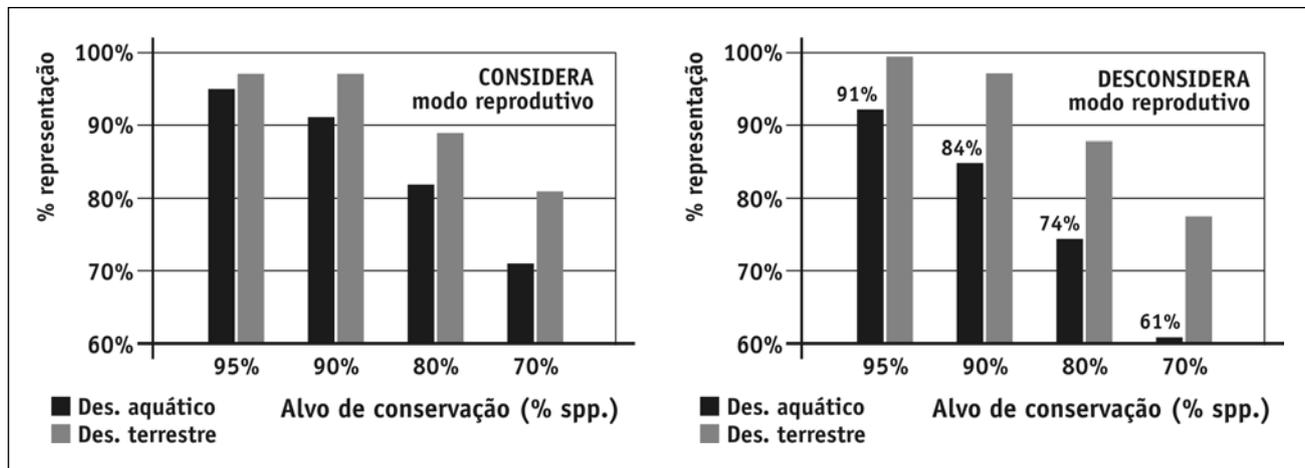


FIGURA 2 – Porcentagem de representação de espécies de anuros ameaçados de extinção na região Neotropical atingida sob diferentes alvos de conservação. Note a sub-representação de espécies com fase larval aquática quando os modos reprodutivos não são considerados nas análises de priorização: o alvo original de representação não é sequer atingido.

Outro exemplo instrutivo é o trabalho de Strange *et al.* (2006) realizado em escala regional, na Dinamarca. Usando dados da distribuição geográfica de 763 espécies em oito grupos taxonômicos distintos, estes autores compararam custos da inclusão de novas áreas na rede de áreas protegidas já existente, no país com vistas a conservação de todas as espécies. Eles concluíram que o custo do planejamento de conservação elaborado de maneira independente para cada estado do país é aproximadamente 20 vezes maior que uma estratégia traçada nacionalmente. Além disso, a substituição de uma variável direta, como o preço da terra, por outra indireta (a área total das localidades consideradas) aumenta em muito o custo esperado das áreas, sem necessariamente aumentar a representação das espécies. Resultados como esse sugerem que o uso de variáveis independentes das espécies per se são muito úteis na seleção de áreas prioritárias e na criação de cenários mais realistas para políticas públicas de conservação (Strange *et al.* 2006).

Em um estudo recente (Loyola *et al.*, 2008a) identificamos áreas prioritárias para a conservação de anuros ameaçados de extinção na região Neotropical. Todas as espécies de anuros foram separadas, segundo seu modo reprodutivo, em dois grupos: aquelas com fase larval aquática (isto é, cuja parte do ciclo de vida necessariamente se desenvolve em ambientes aquáticos como riachos, poças temporárias, etc.) e aquelas com desenvolvimento terrestre (incluindo espécies com desenvolvimento direto). Em seguida, identificamos conjuntos de ecorregiões prioritárias para a conservação de anuros ameaçados como um todo, e de espécies com larva

aquática e desenvolvimento terrestre separadamente. O conjunto prioritário para a conservação de todas as espécies ameaçadas de extinção hoje em dia é composto por 66 ecorregiões. Entre estas, 30 são extremamente importantes para a conservação de espécies com ambos modos reprodutivos – tais regiões concentram-se na Mesoamérica e no Andes. Em contrapartida, 26 são prioritárias exclusivamente para a conservação de espécies com larva aquática, distribuindo-se amplamente ao longo da América Central e do Sul; e apenas 10 exclusivamente para espécies com desenvolvimento terrestre, a maioria concentrada nos Andes (Loyola *et al.*, 2008a). Os resultados esclarecem que, quando o modo reprodutivo das espécies não é incluído nas análises de seleção de áreas prioritárias, regiões extremamente importantes para espécies com larva aquática não são incluídas na solução (Figura 1). Isto quer dizer que espécies com desenvolvimento terrestre são favorecidas e que a representação de espécies com larva aquática é prejudicada (Figura 2) – o que é extremamente grave, pois as espécies deste último grupo possuem os maiores índices de declínio populacional registrados hoje em dia (Becker & Loyola, 2008). Loyola *et al.* (2008a) mostraram como a inclusão de características da história de vida (no caso, o modo reprodutivo de indivíduos adultos) das espécies no processo de priorização pode gerar conjuntos prioritários mais abrangentes que, por sua vez, subsidiam estratégias de conservação mais eficientes para este grupo.

Para além destes resultados, exploramos a inclusão de diferentes características ecológicas (p. ex., risco de extinção e raridade) e evolutivas (p. ex., tamanho

corporal e diversidade filogenética) nos exercícios de priorização de áreas (Loyola *et al.*, 2008b, 2009b). Isto foi feito para um grupo específico e bastante vulnerável – os mamíferos da ordem Carnívora. Baseado nas espécies de carnívoros que ocorrem em cada uma das 179 ecorregiões Neotropicais, mapeamos os padrões de distribuição espacial de diversidade filogenética, tamanho do corpo, raridade e risco de extinção ao longo da região Neotropical (Figura 3 A-D). Combinamos então estes padrões com o objetivo de gerar uma restrição nas análises de priorização, de modo que os conjuntos prioritários não apenas representassem todas as espécies (como no estudo precedente), mas também favorecessem regiões com espécies que, simultaneamente, possuem alta diversidade filogenética, grande tamanho corporal, são raras e se encontram em categorias de ameaça elevada. Isto nos fornece um cenário de alta vulnerabilidade e que requer intervenção urgente para a conservação adequada das espécies. Esse cenário foi então sobreposto a outro derivado independentemente das espécies em questão, mas que visava minimizar os conflitos de conservação por meio da inclusão de ecorregiões menos impactadas por populações humanas (Figura 3 E). A conclusão é que algumas ecorregiões fazem parte de mais de um cenário de conservação e que, portanto, trariam um bom retorno de investimento em longo prazo, pois conservam regiões ainda pouco impactadas pela ação do homem (que possuem menores taxas de desmatamento e conversão de habitat, menores densidades populacionais humanas, etc.), mas em contrapartida, abrigam espécies extremamente vulneráveis e que necessitam uma intervenção urgente para que sejam salvas da extinção (ecorregiões em vermelho na Figura 3 E, ver também Loyola *et al.*, 2008b).

MELHORANDO AS AVALIAÇÕES DE RISCO DE EXTINÇÃO: POPULAÇÕES VS. ESPÉCIES

Pesquisas sobre a extinção de populações e espécies têm revelado um declínio acelerado da biodiversidade nos dias atuais (Ceballos *et al.*, 2005). Isso foi mencionado anteriormente, mas declínios e extinções populacionais parecem ser indicadores mais sensíveis da perda de biodiversidade que a extinção de espécies (ver também Aleixo, neste volume). Isso ocorre, pois diversas espécies que perderam uma grande proporção de suas populações ainda serão provavelmente extintas regional ou globalmente, contribuindo para as estatísticas de extinção de espécies no futuro (Ceballos & Ehrlich, 2002).

Um bom exemplo pode ser dado pelos anfíbios. Populações de anfíbios estão declinando em todo o mundo e isto tem causado grande preocupação (Stuart *et al.*, 2004, Loyola *et al.*, 2008a). Dentre os demais vertebrados, os anfíbios apresentam a maior proporção de espécies ameaçadas, assim como o maior número de registros de populações declinantes (IUCN *et al.*, 2006). Níveis tão altos de declínios em nível populacional e de espécies têm criado demandas por estratégias eficientes que maximizem os esforços de conservação para este grupo.

Recentemente, avaliamos a correlação entre avaliações de risco de extinção de anfíbios em nível populacional [desenvolvido pela Força Tarefa para o Declínio Global de Anfíbios (DAPTF), DAPTF, 2007] e em nível específico [desenvolvido pela IUCN e a Avaliação Global de Anfíbios (GAA), IUCN *et al.*, 2006] (Becker & Loyola, 2008). Tal correlação foi avaliada em escala global tanto para grandes províncias biogeográficas (Australiana, Neártica, Neotropical, Paleártica e Indo-Malaia) quanto para países que possuem registros numerosos e confiáveis sobre declínios de populações de anfíbios. A conclusão do estudo é que as avaliações de risco feitas em diferentes níveis (populacional e específico) não coincidem totalmente ao longo de diferentes regiões geográficas, isto é, o nível de congruência entre ambos os critérios de avaliação varia de acordo com as regiões estudadas.

Muitos anfíbios cujas populações encontram-se em declínio não estão incluídos nas listas de espécies ameaçadas de extinção publicadas pela IUCN. Nas regiões Paleártica e Indo-Malaia, menos de 25% das espécies com populações declinantes estão classificadas como oficialmente ameaçadas. Por outro lado, mais de 60% das espécies Australianas cujas populações estão em declínio, encontram-se listadas como ameaçadas de extinção segundo IUCN *et al.* (2006) (Figura 4). Entre as espécies ameaçadas, aquelas com desenvolvimento aquático são bastante mais frequentes, reforçando a necessidade da inclusão de modos reprodutivos nos exercícios de priorização de áreas para anfíbios. Como consequência, sugere-se que em diversas regiões do planeta, estratégias de conservação para anfíbios podem ser muito mais abrangentes e eficazes caso sejam utilizadas informações complementares sobre o risco de extinção baseadas em tendências populacionais coletadas ao longo de uma série temporal, definida assim como aquelas provenientes de listas oficiais de espécies ameaçadas (Becker & Loyola, 2008). Recomenda-se, portanto que a comunidade científica faça uso de todas as fontes de dados disponíveis para desenvolver

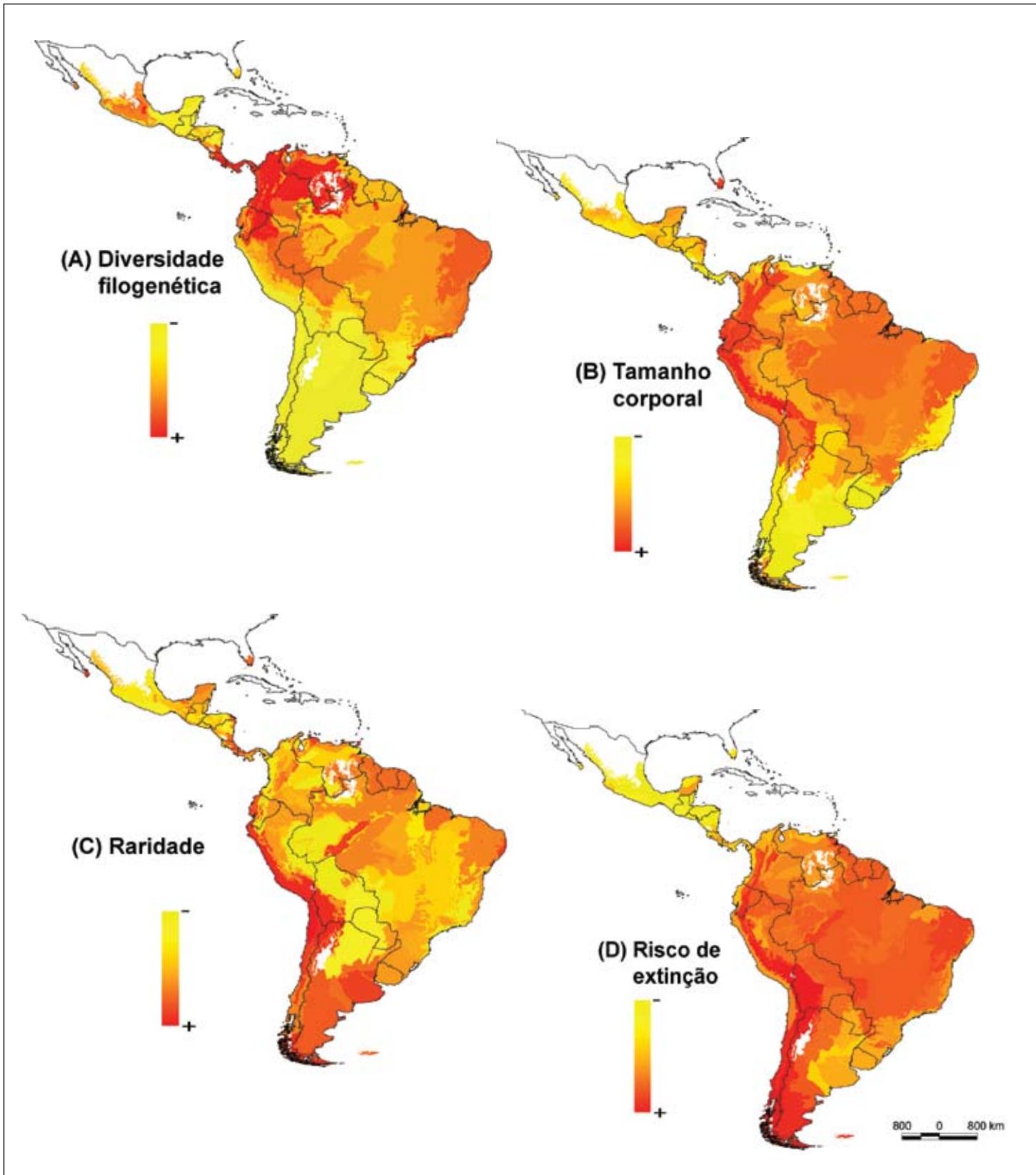
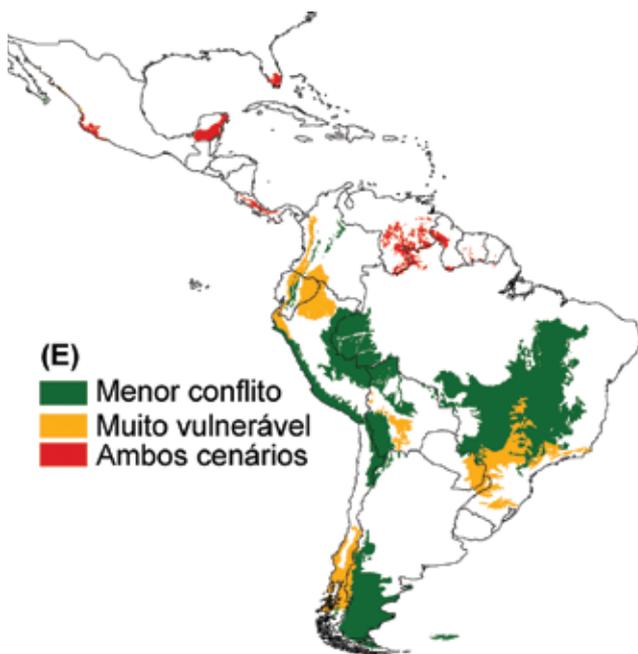


FIGURA 3 – Padrões espaciais de (A) diversidade filogenética, (B) tamanho corporal, (C) raridade e (D) risco de extinção, segundo a Lista de Espécies Ameaçadas de Extinção da IUCN 2007. O gradiente de cores exibido pela ecorregiões reflete valores baixos (amarelos) a altos (vermelhos) para essas características. Em (E), conjuntos mínimos para a representação de todas as espécies de carnívoros Neotropicais sob um cenário muito vulnerável e de intervenção urgente (ecorregiões em cor de laranja) combinado com aquele



onde haverá possivelmente um menor conflito de conservação (ecoregiões em verde). Ecoregiões prioritárias compartilhadas por ambos cenários são mostradas em vermelho. Adaptado de Loyola *et al.* (2008b).

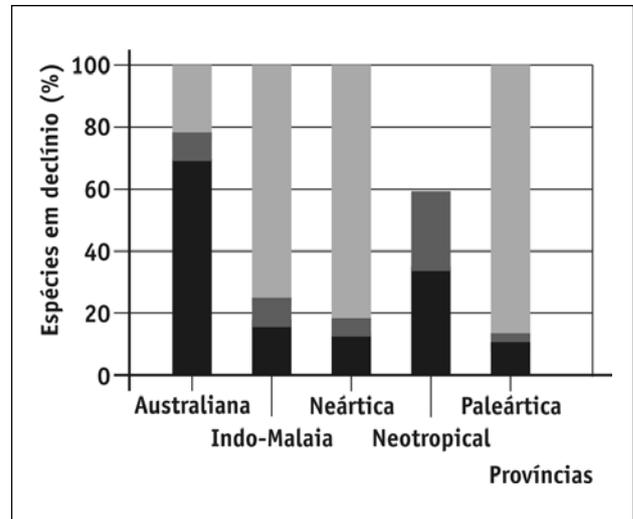


FIGURA 4 – Porcentagem de espécies com declínio registrado por província biogeográfica. **Barras pretas** representam espécies cujo desenvolvimento inclui uma fase larval aquática, **barras cinza escuro** representam espécies com desenvolvimento terrestre, **barras cinza claro** representam espécies não ameaçadas. Grau de ameaça obtido por meio da Lista de Espécies Ameaçadas de Extinção da IUCN 2007. Adaptado de Becker & Loyola (2008).

estratégias integradas e abrangentes para a conservação da fauna. Não se sabe o quanto avaliações de extinção em diferentes níveis são coincidentes ou não para outros grupos taxonômicos, especialmente invertebrados. Novos estudos precisam ser desenvolvidos nessa área por influenciarem no estabelecimento de prioridades de conservação desde a escala regional até a global. Isso será extremamente útil no direcionamento e na alocação de esforços de conservação onde eles realmente são necessários.

Conforme exposto acima, existem hoje diferentes abordagens para a identificação de prioridades de conservação, especialmente aquelas aplicadas a grandes escalas (Sarkar *et al.*, 2006, Mace *et al.*, 2007). Tais abordagens vão desde o uso de grupos indicadores e da congruência entre a riqueza de espécies e níveis de endemismo entre diferentes grupos taxonômicos, até a identificação de áreas prioritárias para a conservação de determinados grupos – o que pode ser melhorado tanto com a inclusão de características biológicas das espécies a serem conservadas e quanto por meio de avaliações de risco de extinção nos níveis populacionais e específicos. Independente de suas diferenças metodológicas, todas essas abordagens assentam-se sobre o arcabouço conceitual e teórico proposto pela Biogeografia da Conservação (Whittaker *et al.*,

2005) e pelo Planejamento Sistemático de Conservação (Margules & Pressey, 2000). O uso de diferentes abordagens sustentadas pelo conhecimento teórico fornece-nos uma base científica fundamental para o delineamento de estratégias de conservação cada vez mais bem definidas que farão parte de um processo de negociação muito mais complexo e interdisciplinar, porém imprescindível para a implementação política de reservas e outros meios para a conservação da biodiversidade em diferentes escalas geográficas.

AGRADECIMENTOS

Somos gratos a José Alexandre Felizola Diniz-Filho e José Maria Cardoso da Silva pelo convite e gentileza de incluir nosso artigo nesse volume especial. Agradecemos também a Gustavo A. B. Fonseca, José A.F. Diniz-Filho, Umberto Kubota, Célio F.B. Haddad, Carlos Guilherme Becker, Guilherme de Oliveira e Carlos R. Fonseca pelas inúmeras discussões e sugestões em nossos trabalhos sobre priorização de áreas para a conservação. Rafael D. Loyola foi apoiado pelo CNPq (140267/2005-0). A pesquisa de Thomas M. Lewinsohn é financiada pelo CNPq (306049/2004-0) e FAPESP (04/15482-1).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aleixo, A. 2009. Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação. *Megadiversidade* 5(1): 87-95.
- Andelman, S., I. Ball, F. Davis & D. Stoms. 1999. SITES v. 1.0: An analytical toolbox for designing ecoregional conservation portfolios. Technical report, The Nature Conservancy.
- Anônimo, 2001. C-Plan Conservation Planning Software. User Manual for C-Plan Version 3.06, New South Wales National Parks and Wildlife Service, Armidale.
- Araújo, M.B. & A. Guisan. 2006. Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography* 33: 1677-1688.
- Araújo, M.B. 2004. Matching species with reserves – uncertainties from using data at different resolutions. *Biological Conservation* 118: 533–538.
- Ball, I. & H. Possingham. 2000. MARXAN v 1.8.2 – Marine Reserve Design using Spatially Explicit Annealing. University of Queensland, Brisbane, Australia.
- Becker, C.G. & R.D. Loyola. 2008. Extinction risk assessments at the population and species level: implications for amphibian conservation. *Biodiversity and Conservation* 17: 2297-2304.
- Bini, L.M., J.A.F. Diniz-Filho, T.F.L.V.B. Rangel, R.P. Bastos & M.P. Pinto. 2006. Challenging Wallacean and Linnean shortfalls: knowledge gradients and conservation planning in a biodiversity hotspot. *Diversity and Distributions* 12: 475-482.
- Brooks, T., A. Balmford, N. Burgess, J. Fjeldsa, L.A. Hansen, J. Moore, C. Rahbek & P. Williams. 2001. Toward a blueprint for conservation in Africa. *Bioscience* 51: 613-624.
- Brooks, T.M., R.A. Mittermeier, G.A.B. da Fonseca, J. Gerlach, M. Hoffmann, J.F. Lamoreux, C.G. Mittermeier, J.D. Pilgrim & A. S. L. Rodrigues. 2006. Global biodiversity conservation priorities. *Science* 313: 58-61.
- Cabeza, M. & A. Moilanen. 2001. Design of reserve networks and the persistence of biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution* 16: 242-248.
- Cardillo, M., G.M. Mace, J. L. Gittleman & A. Purvis. 2006. Latent extinction risk and the future battlegrounds of mammal conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 103: 4157-4161.
- Ceballos, G. & P.R. Ehrlich. 2002. Mammal population losses and the extinction crisis. *Science* 296: 904-907.
- Ceballos G, P.R. Ehrlich, J. Soberón, I. Salazar & J.P. Fay. 2005. Global mammal conservation: what must we manage? *Science* 309: 603-607
- Copeland, H.E., J.M. Ward & J.M. Kiesecker. 2007. Assessing tradeoffs in biodiversity, vulnerability and cost when prioritizing conservation sites. *Journal of Conservation Planning* 3: 1-16.
- Csuti, B., S. Polasky, P.H. Williams, R.L. Pressey, J.D. Camm, M. Kershaw, A.R. Kiestler, B. Downs, R. Hamilton, M. Huso & K. Sahr. 1997. A comparison of reserve selection algorithms using data on terrestrial vertebrates in Oregon. *Biological Conservation* 80: 83-97.
- DAPTF 2007. Declining Amphibian Database – DAD. Declining Amphibian Populations Task Force. www.open.ac.uk/daptf
- Flather, C.H., K.R. Wilson, D.J. Dean & W.C. McComb. 1997. Identifying gaps in conservation networks: of indicators and uncertainty in geographic-based analysis. *Ecological Applications* 7: 531-542.
- Gaston, K.J. 1996. Biodiversity - congruence. *Progress in Physical Geography*, 20, 105-112.
- Groves, C. 2003. Drafting a conservation blueprint: a practitioner's guide to planning for biodiversity. Island Press, Washington, EUA.
- Guisan, A., A. Lehmann, S. Ferrier, M. Austin, J.M.C. Overton, R. Aspinall & T. Hastie. 2006. Making better biogeographical predictions of species' distributions. *Journal of Applied Ecology* 43: 386-392.
- Howard, P.C., P. Viskanic, T.R.B. Davenport, F.W. Kigenyi, M. Baltzer, C.J. Dickinson, J.S. Lwanga, R.A. Matthews & A. Balmford. 1998. Complementarity and the use of indicator groups for reserve selection in Uganda. *Nature* 394: 472-475.
- The World Conservation Union (IUCN) 2007. 2007 IUCN Red List of Threatened Species. IUCN, Gland, Suíça.
- IUCN, Conservation International, NatureServe 2006. Global Amphibian Assessment. Disponível em <http://www.globalamphibians.org>.
- Kress, W.J., W.R. Heyer, P. Acevedo, J. Coddington, D. Cole, T.L. Erwin, B.J. Meggers, M. Pogue, R.W. Thorington, R.P. Vari, M.J. Weitzman & S. H. Weitzman. 1998. Amazonian biodiversity: assessing conservation priorities with taxonomic data. *Biodiversity and Conservation* 7: 1577-1587.
- Lamoreux, J.F., J.C. Morrison, T.H. Ricketts, D.M. Olson, E. Dinerstein, M.W. McKnight & H. H. Shugart. 2006. Global tests

- of biodiversity concordance and the importance of endemism. *Nature* 440: 212-214.
- Lawton, J.H. & R.M. May. (eds). 1995. *Extinction rates*. OUP, Oxford, Reino Unido.
- Lomolino, M.V., D. Sax & J.H. Brown. (eds). 2004. *Foundations of Biogeography*. Chicago University Press, Chicaco, E. U. A.
- Loreau, M., A. Oteng-Yeboah, M.T.K. Arroyo, D. Babin, R. Barbault, M. Donoghue, M. Gadgil, C. Häuser, C. Heip, A. Larigauderie, K. Ma, G. Mace, H.A. Mooney, C. Perrings, P. Raven, J. Sarukhan, P. Schei, R.J. Scholes, & R.T. Watson. 2006. Diversity without representation. *Nature* 442: 245-246.
- Loyola, R.D., U. Kubota, & T.M. Lewinsohn 2007. Endemic vertebrates are the most effective surrogates for identifying conservation priorities among Brazilian ecoregions. *Diversity and Distributions* 13: 389-396.
- Loyola, R.D., C.G. Becker, U. Kubota, C.F.B. Haddad, C.R. Fonseca & T.M. Lewinsohn. 2008a. Hung out to dry: choice of priority ecoregions for conserving threatened Neotropical anurans depend on their life-history traits. *PLoS ONE* 3(5): e2120. doi:10.1371/journal.pone.0002120
- Loyola, R.D., G. Oliveira, J.A.F. Diniz-Filho & T.M. Lewinsohn. 2008b. Conservation of Neotropical carnivores under different prioritization scenarios: mapping species traits to minimize conservation conflicts. *Diversity and Distributions* 14: 949-960.
- Loyola, R.D., U. Kubota, G.A.B. Fonseca & T.M. Lewinsohn. 2009a. Key Neotropical ecoregions for conservation of terrestrial vertebrates. *Biodiversity and Conservation* 18: 2017-2031.
- Loyola, R.D., L.G.R. Oliveira-Santos, M. Almeida-Neto, D.M. Nogueira, U. Kubota, J.A.F. Diniz-Filho & T.M. Lewinsohn. 2009b. Integrating economic costs and biological traits into global conservation priorities for carnivores. *PLoS ONE*, 4(8): e6807. doi:10.1371/journal.pone.0006807.
- Mace, G.M., H.P. Possingham & N. Learder-Williams. 2007. Prioritizing choices in conservation. In: D. W. Macdonald & K. Service (eds). *Key topics in conservation biology*. pp 17-34. Blackwell, Oxford, Reino Unido.
- Machado, A.B.M., C.S. Martins & G.M. Drummond. 2005. Lista da fauna brasileira ameaçada de extinção: incluindo as espécies quase ameaçadas e deficientes em dados. Fundação Biodiversitas, Belo Horizonte, Brasil.
- Margules, C.R. & R.L. Pressey. 2000. Systematic conservation planning. *Nature*, 405, 243-253.
- Margules, C.R. & S. Sarkar. 2007. *Systematic conservation planning*. Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido.
- Meynard, C.N. & J.F. Quinn. 2007. Predicting species distributions: a critical comparison of the most common statistical models using artificial species. *Journal of Biogeography* 34: 1455-1469.
- Mittermeier, R.A., C.G. Mittermeier, T.M. Brooks, J.D. Pilgrim, W.R. Konstant, G.A.B. da Fonseca & C. Kormos. 2003. Wilderness and biodiversity conservation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 100: 10309-10313.
- Mittermeier, R.A., P. Robles-Gil, M. Hoffman, J. Pilgrim, T. Brooks, C.G. Mittermeier, J.F. Lamoreux & G.A.B. da Fonseca. 2004. Hotspots revisited: Earth's biologically richest and most endangered terrestrial ecoregions. CEMEX, Cidade do México, México.
- Moore, J.L., A. Balmford, T. Brooks, N.D. Burgess, L.A. Hansen, C. Rahbek & P.H. Williams. 2003. Performance of sub-Saharan vertebrates as indicator groups for identifying priority areas for conservation. *Conservation Biology* 17: 207-218.
- Myers, N. & R.A. Mittermeier. 2003. Impact and acceptance of the hotspots strategy: response to Ovadia and to Brummitt and Lughadha. *Conservation Biology* 17: 1449-1450.
- Olson, D.M. & E. Dinerstein. 2002. The Global 200: Priority ecoregions for global conservation. *Annals of the Missouri Botanical Garden* 89: 199-224.
- Olson, D.M., E. Dinerstein, E.D. Wikramanayake, N.D. Burgess, G.V.N. Powell, E.C. Underwood, J.A. D'Amico, I. Itoua, H.E. Strand, J.C. Morrison, C.J. Loucks, T.F. Allnutt, T.H. Ricketts, Y. Kura, J.F. Lamoreux, W.W. Wettengel, P. Hedao & K.R. Kassem. 2001. Terrestrial ecoregions of the worlds: A new map of life on Earth. *Bioscience* 51: 933-938.
- Olson, D.M., E. Dinerstein, G.V.N. Powell & E.D. Wikramanayake, E.D. 2002. Conservation Biology for the biodiversity crisis. *Conservation Biology* 16: 1-3.
- Orme, C.D.L., R.G. Davies, M. Burgess, F. Eigenbrod, N. Pickup, V.A. Olson, A.J. Webster, T.S. Ding, P.C. Rasmussen, R.S. Ridgely, A.J. Stattersfield, P.M. Bennett, T.M. Blackburn, K.J. Gaston, I.P.F. Owens. 2005. Global hotspots of species richness are not congruent with endemism or threat. *Nature* 436: 1016-1019.
- Pearson, D.L. & S.S. Carroll. 1999. The influence of spatial scale on cross-taxon congruence patterns and prediction accuracy of species richness. *Journal of Biogeography* 26: 1079-1090.
- Possingham, H., I. Ball & S. Andelman. 2000. Mathematical methods for identifying representative reserve networks. In: S. Ferson & M. Burgman (eds). *Quantitative Methods for Conservation Biology*. pp 291-306. Springer-Verlag, New York, EUA.
- Pressey, R.L. & R.M. Cowling. 2001. Reserve selection algorithms and the real world. *Conservation Biology* 15: 275-277.
- Pressey, R.L., H.P. Possingham, C.R. Margules. 1996. Optimality in reserve selection algorithms: when does it matter and how much? *Biological Conservation* 76: 259-267.
- Reyers, B., A.S. van Jaarsveld & M. Kruger. 2000. Complementarity as a biodiversity indicator strategy. *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 267: 505-513.
- Sarkar, S., R.L. Pressey, D.P. Faith, C.R. Margules, T. Fuller, T., D.M. Stoms, A. Moffett, K.A. Wilson, K.J. Williams, P.H. Williams & S. Andelman. 2006. Biodiversity conservation planning tools: present status and challenges for the future. *Annual Review of Environment and Resources* 31: 123-159.
- Smith, R.J. 2004. *Conservation Land-Use Zoning (CLUZ) Software*. Durrell Institute of Conservation and Ecology, Canterbury, Reino Unido.
- Smith, R.J., P.S. Goodman & W.S. Matthews. 2006. Systematic conservation planning: a review of perceived limitations and an illustration of the benefits, using a case study from Maputaland, South Africa. *Oryx* 40: 400-410.
- Stattersfield, A.J., M.J. Crosby, A.J. Long & D.C. Wege. 1998. *Endemic bird areas of the World: priorities for conservation*. Birdlife International, Cambridge, Reino Unido.
- Strange, N., C. Rahbek, J.K. Jepsen & M.P. Lund. 2006. Using farmland prices to evaluate cost-efficiency of national versus

- regional reserve selection in Denmark. *Biological Conservation* 128: 455-466.
- Stuart, S.N., J.S. Chanson, N.A. Cox, B.E. Young, A.S.L. Rodrigues, D.L. Fischman & R.W. Waller. 2004. Status and trends of amphibian declines and extinctions worldwide. *Science* 306: 1783-1786.
- Thomas, C.D., A. Cameron, R.A. Green, M. Bakkenes, L.J. Beaumont, Y.C. Collingham, B.F.N. Erasmus, M.F. de Siqueira, A. Grainger, L. Hannah, L. Hughes, B. Huntley, A.S. van Jaarsveld, G.F. Midgley, L. Miles, M.A. Ortega-Huerta, A.T. Peterson, O.L. Phillips & S. E. Williams. 2004. Extinction risk from climate change. *Nature* 427: 145-148.
- Urbina-Cardona, J.N. & R.D. Loyola. 2008. Applying niche-based models to predict endangered-hyloid potential distributions: are Neotropical protected areas effective enough? *Tropical Conservation Science* 1: 417-445.
- Vanderkam, R.P., Y.F. Wiersma & D.J. King. 2007. Heuristic algorithms vs. linear programs for designing efficient conservation reserve networks: evaluation of solution optimality and processing time. *Biological Conservation* 137: 349-358.
- Viirolainen, K.M., P. Ahlroth, E. Hyvarinen, E. Korkeamaki, J. Mattila, J. Paivinen, T. Rintala, T. Suomi & J. Suhonen. 2000. Hot spots, indicator taxa, complementarity and optimal networks of taiga. *Proceedings of the Royal Society of London Series B* 267: 1143-1147.
- Whittaker, R.J., M.B. Araújo, P. Jepson, R.J. Ladle, J.E.M. Watson & K.J. Willis. 2005. Conservation Biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distributions* 11: 3-23.
- World Wildlife Fund 2006. WildFinder: online database of species distributions, version Jan-06. Disponível em <http://www.worldwildlife.org/WildFinder>.

Desafios para a identificação de áreas para conservação da biodiversidade

CRISTIANO NOGUEIRA^{1 + *}

PAULA H. VALDUJO²

ADRIANA PAESE³

MÁRIO BARROSO RAMOS NETO¹

RICARDO BOMFIM MACHADO^{1 +}

¹ Conservação Internacional, Brasília, Brasil.

² Departamento de Ecologia, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil.

³ Conservação Internacional, Belo Horizonte, Brasil.

⁺ Endereço atual: Departamento de Zoologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, Brasília, Brasil.

^{*} e-mail: cnogueira@unb.br

RESUMO

Regiões globais prioritárias para a conservação já foram definidas pela combinação de dados em escala ampla sobre perda de habitats e níveis de endemismo. Entretanto, são necessárias análises detalhadas de seleção de áreas para transformar prioridades globais em ações concretas na natureza. Uma das estratégias fundamentais neste sentido é a identificação de áreas prioritárias com base em informações revisadas sobre ocorrência de espécies-alvo para a conservação. A definição do conjunto de espécies-alvo está longe de ser consensual, porém deve contemplar tanto critérios de vulnerabilidade quanto endemismo. Uma vez definido o conjunto de espécies alvo, é imprescindível reunir um volume representativo de dados confiáveis sobre a distribuição geográfica. Porém, a obtenção de bons conjuntos de informação em regiões de alta diversidade e pouca tradição em documentação da biodiversidade representa o mais fundamental desafio no processo de seleção de áreas. Registros de espécies diferem em sua origem, precisão geográfica e validade taxonômica. A necessidade de incorporação do melhor conjunto de dados requer grande esforço de revisão, maximizando a informação biológica acumulada. Para este processo é fundamental o acompanhamento dos especialistas, principalmente na etapa inicial de compilação e georreferenciamento de dados. O passo crucial de transição entre a escala pontual e escala de áreas requer informações detalhadas sobre história natural e variação espacial de recursos (diversidade de habitats, barreiras naturais, fragmentação). Os resultados principais esperados de tais iniciativas são a definição de sítios para a criação de áreas protegidas, além da detecção de localidades prioritárias para inventários direcionados, suprimindo rapidamente lacunas críticas de informação e fortalecendo o elo fundamental entre pesquisa e conservação. Sem o vínculo constante entre conservação e ciência básica de documentação de diversidade não há como definir áreas críticas com significado biogeográfico, que favoreçam a manutenção de padrões e processos evolutivos.

ABSTRACT

Global priority areas have already been defined by the congruence between endemism and threat in major terrestrial regions. However, detailed analyses refining these data and detecting priorities for site-scale action are still badly needed. One of the main data requirements for the selection of priority sites are compilations of detailed data on the distribution of target species. The definition of target species is still far from consensual, but must be based on the principles of vulnerability and irreplaceability. Once the target species are defined, gathering the best available data on species distribution is essential for good results. However, the compilation of good quality data on species distribution, especially in highly diverse and poorly studied Neotropical regions, is not a trivial task, and represents the main challenge and crucial step in priority setting exercises. Species records differ in their origin, geographical precision, and taxonomic validity. The compilation of data requires a large amount of revision effort, in order to maximize the information contained in centuries of biodiversity research. The involvement of local specialists, such as museum curators, taxonomists and field biologists, is crucial in this process. Another crucial step is the transition from point-locality data to priority areas, requiring good knowledge on available resources (habitat distribution, fragmentation) and natural history of the species involved, again depending on specialist input. The priority area selection will result in the definition of sites for the creation of protected areas and in the detection of research priorities, in sites where new surveys are urgently needed, favoring the link between conservation and biodiversity science. Without this constant and necessary link, priority setting analyses will not be able to select areas with biological meaning, and may fail to achieve the representation and persistence of original evolutionary patterns and processes.

INTRODUÇÃO

Espécies representam linhagens independentes, bases de informação para o entendimento dos processos evolutivos e unidades integradoras de todos os fenômenos biológicos, em diferentes escalas de análise (Brooks *et al.*, 2004; Wiens, 2004). A extinção de espécies é irreversível, e terá efeitos deletérios sobre todas as escalas mais amplas de manifestação da diversidade biológica; uma vez perdidas as espécies componentes, não há como recompor processos ecológicos e evolutivos (Wilson, 1999; Brooks *et al.*, 2004).

Entretanto, devido à interferência humana, especialmente a destruição de habitats (Bruner *et al.*, 2001), as taxas atuais de extinção de espécies estão pelo menos três ordens de grandeza maiores do que as taxas naturais ao longo do registro fóssil (Pimm *et al.*, 1995). Desta forma, é consenso que há que se estabelecer prioridades para direcionar os limitados recursos humanos, financeiros e de informação disponíveis para a conservação da biodiversidade (Margules & Pressey, 2000; Langhammer *et al.*, 2007).

Iniciativas de planejamento de conservação em escala global (Olson & Dinerstein, 1998; Stattersfield *et al.*, 1998; Myers *et al.*, 2000; Higgins *et al.*, 2004)

identificaram grandes regiões onde a perda de biodiversidade é eminente. No entanto, tais iniciativas de seleção de áreas em escala ampla não detalham sítios para ações concretas de conservação em campo (Eken *et al.*, 2004). Além disso, em razão da complexidade da escala global, em geral as estratégias não envolvem estudos integrados de diferentes grupos taxonômicos (Stattersfield *et al.*, 1998; Myers *et al.*, 2000).

Para detectar áreas críticas em campo, refinando a escala das análises globais, diferentes protocolos de análise vêm sendo aplicados, discutidos e aperfeiçoados em diferentes regiões do planeta (Margules & Pressey, 2000; Langhammer *et al.*, 2007). Um ponto crucial de tais análises é a necessidade de medir e interpretar a biodiversidade a partir de bases de dados confiáveis (Margules *et al.*, 2002), possibilitando a integração de dados de distribuição de espécies a informações especializadas sobre disponibilidade de recursos (variáveis ambientais tais como tipo de solo, relevo, clima, hidrografia) e por fim a variáveis de pressão antrópica e custos de conservação, tais como potencial de uso agrícola, densidade demográfica, remanescentes vegetais, áreas protegidas, urbanização e infra-estrutura (Margules & Pressey, 2000; Brooks *et al.*, 2004; Langhammer *et al.*, 2007). A combinação dos dados de espécie, recursos

ambientais e pressão antrópica permite comparar áreas e detectar graus de prioridade e ações emergenciais (Margules *et al.*, 2002; Williams *et al.*, 2002).

No entanto, prover dados confiáveis e representativos, que reflitam o estado de conhecimento acumulado sobre padrões de distribuição de espécies, gerando respostas práticas e aplicáveis na escala de tempo imposta pelo ritmo acelerado da perda de ambientes naturais, é um dos maiores desafios atuais de pesquisa em mapeamento e documentação da biodiversidade (Margules & Pressey, 2000; Brooks *et al.*, 2004; Lamoreux *et al.*, 2005), evidenciando uma necessidade urgente de integração entre os campos da Taxonomia, Biogeografia e Biologia da Conservação (Mace, 2004; Whittaker *et al.*, 2005).

No presente trabalho pretendemos evidenciar que bases de dados de ocorrência de espécies, compiladas e revisadas de modo exaustivo e cuidadoso a partir da participação intensiva de especialistas, são um dos pontos de partida essenciais para o bom planejamento de conservação. Dando enfoque principal aos vertebrados brasileiros, grupos taxonômicos com maior volume e qualidade de dados (Lewinsohn & Prado, 2005) e bom desempenho como indicadores de padrões biogeográficos (Lamoreux *et al.*, 2005; Loyola *et al.*, 2007), são discutidas formas de maximizar a informação armazenada em anos de documentação básica de taxonomia e biogeografia, gerando bases representativas e confiáveis sobre distribuição original e atual de espécies.

MÉTODOS USUAIS DE SELEÇÃO DE ÁREAS

A localização de áreas protegidas, em diversas partes do globo, tem sido definida mais por oportunismo do que por planejamento (Margules & Pressey, 2000), sendo que muitas áreas foram criadas com objetivos diversos aos da conservação da biodiversidade (Pressey *et al.*, 1993). Deste modo, os sistemas de áreas protegidas atuais protegem principalmente regiões de beleza cênica, baixa ocupação humana e baixo potencial para a exploração econômica (Margules & Pressey, 2000). Como resultado, existem lacunas importantes no sistema global de reservas que, embora cubram mais de 12% da superfície terrestre, deixam de proteger mais de 1400 espécies de vertebrados de grupos taxonômicos para os quais há análises globais exaustivas sobre os níveis de ameaça (Brooks *et al.*, 2004; Rodrigues *et al.*, 2004). No Brasil, os poucos estudos disponíveis sobre o tema apontam lacunas de proteção de vertebrados tanto no Cerrado (Machado *et al.*, 2004) quanto na Floresta Atlântica (Paglia *et al.*, 2004), duas regiões globais prioritárias para a conservação (Myers *et al.*, 2000).

No entanto, novas formas de análise e detecção de áreas críticas, visando propor métodos padronizados e sistemáticos de seleção de áreas, estão em aplicação e desenvolvimento em diferentes regiões do planeta. A indicação de áreas importantes para a conservação da biodiversidade pode advir tanto do simples mapeamento dos pontos de ocorrência dos alvos selecionados (Wege & Long, 1995; Brooks *et al.*, 2001) quanto da utilização dos princípios do planejamento sistemático para conservação (Margules & Pressey, 2000), com a adoção de uma sequência lógica de definição de metas explícitas de conservação, organização das informações sobre a biodiversidade, avaliação do desempenho do conjunto de áreas protegidas no cumprimento das metas previamente estabelecidas, na seleção de áreas adicionais para o preenchimento de lacunas e na implantação e monitoramento do plano de conservação gerado pela sequência de passos (Margules & Pressey, 2000). As estratégias comumente adotadas para a seleção de prioridades utilizam espécies como objetos básicos de conservação (Eken *et al.*, 2004; Langhammer *et al.*, 2007), aplicando técnicas de planejamento sistemático da conservação, e recorrendo também a mapeamentos de ecossistemas (Noss *et al.*, 1996) ou processos ecológicos (Lombard *et al.*, 1999; Rouget *et al.*, 2003), como forma de melhor representar diferentes escalas e níveis de organização da biodiversidade.

Entretanto, independente do método de análise empregado, sem dados confiáveis sobre a distribuição de espécies não há como detectar lacunas e priorizar efetivamente áreas para a conservação (Brooks *et al.*, 2004). Um ponto comum entre todas as abordagens de seleção de áreas é a grande dependência da qualidade das informações sobre ocorrência de espécies ou atributos da biodiversidade. Diferentes técnicas de seleção de áreas, são, em última análise, direcionadas pelos dados iniciais, que determinam diretamente a quantidade e distribuição dos alvos de conservação e interferem nos resultados para cada alvo (Whittaker *et al.*, 2005).

No entanto, compilar bases exaustivas sobre distribuição de espécies, de diferentes grupos taxonômicos, em regiões continentais amplas, com dados espacializados na escala mais fina possível, não deve ser encarado como tarefa trivial e esporádica (Brooks *et al.*, 2004). Especialmente na região Neotropical, de alta diversidade e ainda pouco estudada em termos de documentação básica de biodiversidade (Lewinsohn & Prado, 2005), são necessários esforços significativos para que as bases de informação façam o máximo uso de toda a gama de dados acumulados.

Sem boas bases de dados não há como assegurar que as ferramentas de análise consigam estabelecer um sistema de áreas protegidas capaz de satisfazer dois princípios básicos de seleção de áreas: a representatividade e a persistência (Margules & Pressey, 2000). A representatividade mínima só é obtida quando todos os alvos de conservação estiverem representados ao menos uma vez no sistema. O princípio da persistência postula que o sistema seja capaz de manter a viabilidade dos alvos envolvidos ao longo do tempo, dependendo diretamente da representatividade, já que a manutenção dos padrões e processos evolutivos dificilmente será atingida com sistemas de representatividade mínima (Cowling *et al.*, 2004). No entanto, proteger amostras representativas dos alvos de conservação, embora não seja suficiente (Higgins *et al.*, 2004), é um primeiro passo para evitar extinções e para conservar padrões biogeográficos e processos ecológicos e evolutivos (Brooks *et al.*, 2004).

POR QUE USAR DADOS DE ESPÉCIES?

Diante da forte dependência dos processos de seleção de áreas em relação aos dados iniciais, uma pergunta central a ser respondida é: que dados serão usados para as análises?

Espécies são as unidades centrais da evolução e representam entidades evolutivas únicas, derivadas de processos biogeográficos singulares e relações entre populações e recursos ecológicos em escalas temporais amplas (Mace, 2004; Wiens, 2004). Portanto, dados de espécie, tomadas como entidades evolutivas únicas definidas espacialmente (Hey *et al.*, 2003), são fundamentais às estratégias de seleção de áreas críticas (Brooks *et al.*, 2004).

Uma das principais críticas ao uso de espécies na seleção de áreas para a conservação (Knight *et al.*, 2007) menciona o tradicional debate entre diferentes conceitos de espécie e suas implicações para medidas práticas de proteção (Hey *et al.*, 2003; Agapow, 2005; Aleixo, neste volume). Entretanto, muito da controvérsia é eliminada com o reconhecimento dos dois significados centrais do termo espécie em biologia (Hey *et al.*, 2003): o significado taxonômico (espécie como categoria), e o significado evolutivo (espécie como entidade histórico-evolutiva). Apesar da controvérsia, atualmente vem ganhando prevalência o conceito filogenético de espécie, que define espécies de modo operacional e objetivo, como os menos inclusivos grupos diagnosticáveis de indivíduos, dentre os quais há relações históricas e exclusivas de parentesco, inferidas por características

derivadas comuns e exclusivas (Cracraft, 1997). O uso do conceito filogenético de espécies favorece o reconhecimento de entidades evolutivas distintas como a principal unidade de medida de biodiversidade (Agapow, 2005), vinculando a categoria taxonômica de espécie a entidades evolutivas únicas.

Outra crítica comum ao uso de espécies como alvo de conservação baseia-se nas incertezas e lacunas inerentes ao conhecimento sobre taxonomia e distribuição geográfica das diferentes formas de vida no planeta. São consensuais as lacunas no conhecimento biogeográfico, tanto em termos de diversidade taxonômica quanto em termos de dados sobre distribuição geográfica das espécies (Ferrier, 2002; Margules *et al.*, 2002; Williams *et al.*, 2002; Whittaker *et al.*, 2005). Como forma de contornar as lacunas no conhecimento sobre distribuição de espécies, o rápido avanço das técnicas de sensoriamento remoto gerou uma tendência ao uso de atributos físico-ambientais de escala ampla (e.g. relevo, cobertura vegetal, tipos de solo, variáveis climáticas) combinados em camadas conhecidas como *environmental diversity*, ED, ou “dublês” de biodiversidade (Faith & Walker, 1996). No entanto, os avanços técnicos no uso de camadas de diversidade de ambientes ocorreram sem avanços significativos e paralelos na capacidade de obter e interpretar dados básicos em distribuição das espécies, por uma falta de maior integração entre especialistas em documentação da biodiversidade, biogeografia e conservação (Whittaker *et al.*, 2005).

Testes do desempenho de parâmetros ambientais como “dublês” de diversidade demonstram que as áreas resultantes tiveram desempenho similar a áreas selecionadas ao acaso (Araújo *et al.*, 2001; Lombard *et al.*, 2003). Grupos de espécies onde a seleção de áreas direcionada por indicadores ambientais deixou maiores lacunas foram espécies com distribuição restrita, espécies dependentes de habitats específicos (distribuídos em escala mais refinada do que a escala da “diversidade ambiental”) e espécies cuja distribuição era determinada primordialmente por fatores históricos (Lombard *et al.*, 2003). Um dos argumentos centrais do presente trabalho é que tais espécies, justamente as melhores indicadoras potenciais de processos biogeográficos e históricos, estão exatamente entre as mais relevantes para a conservação.

Deste modo, a integração entre dados ambientais (recursos ecológicos e pressão antrópica) e dados de espécie de diferentes grupos taxonômicos, com diferentes restrições ecológicas (modos de reprodução, padrões de uso de habitat, capacidade de dispersão) e filogenéticas (diferentes histórias evolutivas), embora demande um

grau intenso de busca e revisão de dados, ainda parece ser a melhor forma de gerar boas interpretações e sínteses sobre biodiversidade, fundamentais à seleção de áreas para a conservação (Funk & Richardson, 2002; Whittaker *et al.*, 2005). Além disso, sem acesso a bons dados de distribuição geográfica das espécies não há nem mesmo como propor estratégias para direcionar esforços de documentação, preenchendo lacunas de informação faunística básica (Funk *et al.*, 2005; Raxworthy *et al.*, 2003).

OBJETOS DE CONSERVAÇÃO

Uma vez aceito o desafio primordial de trabalhar com espécies, surge o segundo desafio: selecionar quais as espécies são relevantes para a conservação. A estratégia das áreas-chave de biodiversidade (*Key Biodiversity Areas*, KBAs, Eken *et al.*, 2004) aponta quatro conjuntos de espécies relevantes para a seleção de áreas críticas, selecionadas de acordo com critérios de vulnerabilidade e endemismo (Eken *et al.*, 2004). O primeiro conjunto inclui espécies globalmente ameaçadas (critério 1), e é derivado de análises de vulnerabilidade. Os demais critérios (2 - espécies de distribuição restrita; 3 - espécies congregatórias e 4 - espécies endêmicas) derivam de características biogeográficas intrínsecas às espécies, sendo diferentes medidas do grau de regionalização da distribuição ou do uso de recursos (Eken *et al.*, 2004).

Embora o uso conjunto desses quatro critérios favoreça a obtenção de bases representativas de informação biogeográfica (Langhammer *et al.*, 2007), existe a tendência ao uso prioritário de espécies globalmente ameaçadas (Langhammer *et al.*, 2007), em detrimento de espécies ameaçadas em listas regionais e de espécies detectadas por critérios vinculados às características intrínsecas de distribuição. Como exemplo, espécies endêmicas do Brasil que não tenham sido avaliadas globalmente, mas figuram na lista brasileira de espécies ameaçadas (MMA, 2003), devem ser inseridas nas análises, ampliando a representatividade em termos de espécies vulneráveis e inserindo componentes que podem determinar com maior precisão a priorização de áreas em nível regional.

Devido às limitações nas listas de espécies ameaçadas (Possingham *et al.*, 2002), tanto em nível global quanto regional (Pimenta *et al.*, 2005), é fundamental recorrer a um segundo conjunto de espécies para obter melhores bases de dados sobre distribuição de espécies. Neste sentido, espécies de distribuição restrita são particularmente relevantes, pois sua detecção é relativamente

simples (depende apenas de uma avaliação objetiva e direta de área de distribuição, factível mesmo para espécies pouco conhecidas ou para as quais há limitadas informações biológicas) e por facilitar a detecção de padrões de endemismo e biogeografia, fundamentos essenciais para o planejamento da conservação (Whittaker *et al.*, 2005). Além de intrinsecamente vulneráveis à extinção (Gaston, 1998), espécies de distribuição localizada foram indicadores eficientes para a conservação de espécies ameaçadas, indicando também de forma consistente sítios de alta riqueza de espécies e de gêneros monoespecíficos, em estudo sobre mamíferos da América do Sul (Tognelli, 2005).

Ao se inserir espécies com distribuição restrita (conhecida ou inferida com base nos registros disponíveis), a seleção de áreas deixará de ser simplesmente reativa, selecionando apenas sítios contendo espécies sob pressão, e tenderá a ser mais prospectiva, incluindo regiões relevantes do ponto de vista biogeográfico, mas ainda livres de impactos significativos. Discussões e revisão ampla sobre estratégias reativas e prospectivas estão presentes em Brooks *et al.* (2006). Diante da rapidez da destruição de habitats no Brasil, estratégias que visem apontar regiões e táxons relevantes antes da ocorrência de impactos devem ser mais amplamente discutidas e aplicadas. Em grandes regiões naturais, ainda livres de impacto extenso de perda de habitats, como grandes porções da Amazônia, e contendo, proporcionalmente, poucas espécies ameaçadas, ou em regiões onde as avaliações de ameaça não acompanham o elevado ritmo da perda de habitats, selecionar sítios com base em endemismos restritos poderá gerar melhores resultados de seleção de áreas. Nestas regiões, a seleção de áreas críticas não pode aguardar até que espécies intrinsecamente relevantes (por maior propensão à extinção e pela possibilidade de informar sobre padrões biogeográficos) sejam avaliadas e incluídas em listas globais de ameaça (Possingham *et al.*, 2002). A seleção prospectiva pode também favorecer a seleção de áreas sob baixa pressão antrópica, que geralmente apresentam um menor custo de proteção, pois ainda não estão sob foco de interesses econômicos significativos, demandando por isso menos recursos e aumentando a agilidade na proteção de espécies e áreas relevantes (Possingham *et al.*, 2002).

TAXONOMIA, SISTEMÁTICA E SELEÇÃO DE ÁREAS

De forma geral, as espécies são a principal unidade de medida de biodiversidade (Agapow, 2005). Sendo as menos inclusivas entidades evolutivas (mas ver Aleixo,

neste volume), espécies geram informação detalhada sobre padrões de diferenciação espacial e temporal da biodiversidade (Mace, 2004). Portanto, a tarefa da taxonomia descritiva, de explorar, detectar e descrever a diversidade de espécies no planeta, é essencial a todos os ramos do conhecimento biológico (Mace, 2004; Carvalho, neste volume).

Existe ainda uma ampla margem para investigação científica sobre o papel da diversidade filogenética (Faith, 2002; Purvis *et al.*, 2005) como um dos atributos de biodiversidade a ser maximizado na seleção de áreas críticas. Linhagens basais, muitas vezes representadas por linhagens monoespecíficas ou com poucos integrantes, de divergência antiga em relação às suas linhagens irmãs, representam alvos prioritários para a conservação se comparados a espécies em grandes linhagens, com um número elevado de espécies proximamente relacionadas e com divergência mais recente (Faith, 2002). A inclusão de linhagens basais no sistema de áreas críticas adicionaria um grande contingente de informação evolutiva, favorecendo a manutenção de conjuntos de espécies com divergência ampla em termos ecológicos e evolutivos (Faith, 2002; Purvis *et al.*, 2005)

Estudos com biogeografia de aves, relacionando tamanho de distribuição e idade das linhagens, indicam que linhagens antigas tendem a abrigar espécies com distribuição relativamente localizada ou relictual (Webb & Gaston, 2000), o que indicaria que a conservação de espécies com distribuição restrita tende a aumentar a diversidade filogenética representada no sistema de áreas protegidas.

No outro sentido da variação evolutiva, abaixo do nível de espécie, existe um grau de incerteza taxonômica (inerente aos estudos com diversidade) que deve ser considerado nas bases de informação para seleção de áreas. Assim como é recomendado avaliar táxons abaixo do nível de espécie em listas de ameaça (IUCN, 2001), registros de formas não-descritas, desde que embasados por especialistas, de posse de informações não-publicadas de taxonomia, podem e devem ser inseridos nas bases de dados para a seleção de áreas para a conservação. Há que se ter em mente que estratégias de conservação são direcionadas a entidades evolutivas, e não a nomes válidos na taxonomia. Ou seja, a conservação deve levar em conta as espécies como entidades evolutivas, e não simples categorias taxonômicas. Aguardar até que entidades evolutivas distintas, inseridas sob um mesmo nome válido de espécie, cuja revisão taxonômica encontra-se em fase de publicação, ou mesmo não foi publicada (no caso de teses ou dissertações, contendo frequentemente informações taxonômicas detalhadas e acuradas), pode

não ser a estratégia mais recomendável para proteger a diversidade biológica. O apego excessivo à conservação dos táxons, e não das entidades evolutivas, pode ainda gerar pressões indesejáveis no sentido de descrever e nomear espécies apenas como estratégia para atingir objetivos de conservação, afastando as decisões taxonômicas de parâmetros científicos (Hey *et al.*, 2003).

Novamente, apenas com a participação direta e intensa dos especialistas em taxonomia, sistemática e documentação de biodiversidade será possível incorporar dados taxonômicos ainda inéditos, melhorando a resolução espacial sobre diversidade e distribuição de espécies. Da mesma forma, alterações taxonômicas previstas, como no caso de sinonímias não publicadas, também podem ser inseridas com a supervisão dos especialistas.

No entanto, a contribuição mais imediata e relevante dos especialistas na definição de espécies-alvo será na validação, atualização e correção e das identidades taxonômicas do material tombado em coleção, ou dos dados recuperados na literatura, evitando a consideração de sinonímias ou erros de identificação, bastante comuns em material bruto de coleções científicas (Graham *et al.*, 2004). Embora a simples disponibilização de dados de coleções em veículos de livre acesso seja um avanço, o uso direto dos dados de coleção, sem uma revisão por especialistas, não irá gerar resultados confiáveis em estratégias de seleção de áreas. Os dados brutos em coleções e herbários devem ser revistos, servindo as bases *online* apenas como ponto de partida das compilações, que deverão incluir revisões exaustivas de literatura e, em muitos casos, a análise direta do material-testemunho tombado.

A publicação de catálogos e sínteses faunísticas em regiões biogeográficas definidas (Ávila-Pires, 1995; Carmignotto, 2004; Nogueira, 2006; Buckup *et al.*, 2007), deve ser estimulada, pois representa uma das mais importantes e rapidamente utilizáveis fontes de dados revistos e detalhados para a estudos de seleção de áreas críticas. Entretanto, este tipo de estudo ainda é indisponível para a grande maioria das regiões e grupos de vertebrados do Brasil. Sem este tipo de compilação faunística torna-se difícil até mesmo a seleção objetiva de espécies de interesse para a conservação. Avaliar que espécies são ameaçadas, quais delas apresentam distribuição restrita (real, e não simples artefato de problemas taxonômicos ou amostrais) e quais delas são endêmicas a determinada região pode tornar-se tarefa impregnada de subjetividade, na ausência de informações padronizadas e revisadas, em bases de dados representativas do conhecimento atual sobre a distribuição de espécies.

TRANSIÇÃO ENTRE ESCALA PONTUAL E DE ÁREA

Uma vez selecionadas as áreas críticas a partir dos registros de espécie, não existe consenso sobre como deve ser feita a delimitação destas áreas (Langhammer *et al.*, 2007). Tal problema é ainda mais significativo em regiões de alta biodiversidade como o Brasil, abrindo desde regiões amplamente fragmentadas (como os *hotspots* Cerrado e Mata Atlântica) até as maiores áreas contínuas de floresta tropical do planeta, na região Amazônica. Aqui cabe uma distinção importante: existem duas etapas onde a informação pontual sobre distribuição de espécies deve ser extrapolada para áreas. A primeira delas, nas fases iniciais do trabalho, irá definir a forma e tamanho das unidades de planejamento do sistema. Tais unidades podem ser representadas como *grids* de áreas iguais (quadrículas, hexágonos), limites políticos ou microbacias. Outra etapa, posterior, onde os dados iniciais devem ser transformados em áreas é no final do processo, nas áreas críticas onde ações de conservação concretas irão se desenvolver efetivamente. Nesta fase posterior, é necessário em geral um detalhamento dos dados iniciais, com complementação das informações preliminares na forma de inventários focais e detalhamento da distribuição dos alvos e habitats de interesse, numa escala de campo.

Deste modo, para conseguir integrar diferentes escalas de análise, interpretando informações de registros pontuais de espécies na forma de áreas e regiões prioritárias, é fundamental um conhecimento amplo sobre distribuição local e regional dos atributos da diversidade, e das relações entre as espécies-alvo e seus habitats. Dados em coleções científicas são a fonte principal de informações sobre distribuição da biodiversidade (Funk & Richardson, 2002; Graham *et al.*, 2004), gerando o ponto de partida das interpretações. Em muitos casos, sistematizados e os dados em museus e herbários fornecem as primeiras informações a respeito de diversidade em áreas pouco exploradas, ou, em casos mais drásticos, fornecem os últimos registros de espécies em localidades e regiões altamente impactadas, evidenciando eventos de extinção local e redução da área de distribuição das espécies (Graham *et al.*, 2004).

Como a maior parte dos dados de biodiversidade no Brasil tombada em herbários e coleções zoológicas não foi coletada com técnicas modernas de georreferenciamento, é necessário maximizar a informação contida neste grande volume de dados, recuperando as informações mais precisas possíveis quanto à procedência geográfica dos registros.

Em muitos casos, quando há detalhamento na descrição das localidades de registro (comuns, por exemplo, na descrição de localidades-tipo) é possível recuperar com certa precisão a localização aproximada do registro. Um maior intercâmbio entre faunística básica, biogeografia e biologia da conservação irá gerar melhor entendimento das várias aplicações dos dados de ocorrência de espécies em coleções científicas, favorecendo a redução do viés de amostragem (Funk *et al.*, 2005) e melhorando os resultados da seleção de áreas para a conservação.

Embora seja um procedimento em geral recomendado na detecção de áreas críticas (Langhammer *et al.*, 2007), o descarte de dados históricos e com localidades imprecisas deve ser evitado, especialmente em regiões de alta diversidade e grandes lacunas de conhecimento biológico, como grande parte das regiões naturais do Brasil, (Lewinsohn & Prado, 2005). Em muitos casos, as únicas informações disponíveis sobre um número representativo de espécies são os poucos registros tombados em museu, muitas vezes restritos a localidades-tipo das espécies. Embora tais regiões possam não ser as maiores prioridades em termos globais ou mesmo regionais (Langhammer *et al.*, 2007), deixar de apontar qualquer ação de conservação nestas áreas pode significar a perda importante de informação biogeográfica e de conservação, diante de taxas elevadas de perda de habitats.

Um exemplo claro está apontado em Langhammer *et al.* (2007), justificando a não-detecção de KBAs para *Euparkerella robusta*, uma espécie ameaçada de anfíbio da Floresta Atlântica. O argumento é a ausência de registros recentes e precisos, já que o mapeamento é feito com base apenas na aproximação do ponto de coleta à sede do município de Mimoso do Sul (ES). Com o descarte deste dado, os fragmentos de floresta na região, que provavelmente abrigam as últimas populações da espécie, seriam desconsiderados em qualquer iniciativa de conservação, mesmo no simples diagnóstico de áreas relevantes.

Desconsiderar tais regiões como prioridades de pesquisa aplicada à conservação e deixar de apontar localidades nas quais novas informações de campo são altamente relevantes e informativas para a conservação pode significar um grave erro de omissão, já que existe a necessidade de utilizar da melhor forma possível a informação biológica disponível (Brooks *et al.*, 2004). Nestes casos, relativamente comuns no caso de pequenos vertebrados brasileiros, os fragmentos remanescentes nas imediações do registro devem ser detectados como áreas críticas, nas quais a realização

de inventários focais é prioritária, e deve integrar um programa conjunto de inventários de curto prazo e baixo custo, visando novos registros detalhados de ocorrência, e gerando rapidamente conhecimentos significativos para as ações de conservação.

ÁREAS CRÍTICAS E ESTRATÉGIAS MAIS AMPLAS DE CONSERVAÇÃO

Iniciativas posteriores de delineamento detalhado de áreas protegidas iriam se embasar nos dados disponíveis de espécie, gerando informações aplicáveis na seleção de habitats na região da área protegida, e informando estratégias de conservação nas escalas mais amplas. Como exemplo, se um conjunto de áreas críticas é determinado por espécies típicas de cadeias montanhosas, em áreas elevadas, é necessário buscar conectividade entre este tipo de habitat, e não com áreas mais baixas adjacentes. Da mesma forma, uma grande parte das espécies de vertebrados aquáticos, ou mesmo espécies terrestres ripárias, depende da conectividade ao longo de cursos d'água ou pulsos de inundação em bacias hidrográficas.

A configuração das bacias e microbacias brasileiras pode ser empregada como forma padronizada de delineamento inicial das áreas. Aparentemente, a informação sobre desenho da hidrografia favorece não só a compreensão da distribuição das espécies ripárias (associadas a áreas úmidas, várzeas, matas de galeria ou ciliares) e aquáticas, mas também de espécies de interflúvios (campos de altitude, campos rupestres, florestas de terra firme ou savanas), para as quais bacias não representam corredores, mas potenciais barreiras para a dispersão. Novamente a participação de especialistas, com conhecimento de campo acumulado sobre distribuição local das espécies, faz-se crucial no momento de interpretar os registros pontuais de distribuição e transformá-los em áreas e estratégias de conservação, uma vez que os padrões de conectividade variam diametralmente entre espécies ripárias ou de interflúvio, de acordo com o tipo de habitat ocupado.

As informações detalhadas sobre ocorrência de espécies, reunidas como base para a seleção de áreas, serviriam de fundamento empírico para estratégias de incremento de conectividade, tanto em redes hidrográficas quanto em ambientes de interflúvio. Portanto, os dados de espécies espacializados e transformados em áreas críticas tornam-se as células, ou as menores unidades, de iniciativas mais amplas de conservação, tais como corredores ecológicos,

mosaicos de unidades de conservação, programas de restauração de habitats e conexão de remanescentes. Simplesmente promover a conectividade com as áreas vizinhas mais próximas, ou com áreas numa mesma unidade política ou de manejo, sem informações sobre os padrões originais de conectividade e distribuição local, pode gerar resultados sem significado biológico, representando gastos significativos de recursos de conservação, já que recuperação de áreas e promoção de conectividade são em geral atividades de alto investimento.

INTEGRANDO PRIORIDADES DE CONSERVAÇÃO E PESQUISA BÁSICA

Aplicações recentes para bases de informações geográficas permitem reduzir as lacunas de amostragem da distribuição de espécies, favorecendo interpretações robustas sobre padrões de riqueza (Costa *et al.*, 2007), endemismo (Slatyer *et al.*, 2007), seleção de áreas para inventários (Funk *et al.*, 2005) e até mesmo predições sobre a ocorrência de espécies não-descritas (Raxworthy *et al.*, 2003; Bini *et al.*, 2006). Estes exemplos evidenciam que só com a utilização sistematizada dos dados disponíveis sobre ocorrência de espécies podem ser geradas formas objetivas de reduzir lacunas de informação biogeográfica, alimentando um ciclo de formulação e teste de hipóteses, em estudos acoplados de modelagem e checagem de campo. Embora sejam uma importante frente de pesquisa e possam auxiliar a compreensão sobre padrões de distribuição, estudos de modelagem de distribuição dependem também de bons dados de base (Araujo & Guisan, 2006; Pearson *et al.*, 2007; de Marco & Siqueira, neste volume).

Da mesma maneira, as bases de dados de ocorrência de espécies devem ser vistas como ponto crucial de um ciclo de investigação biológica que integre a seleção de áreas prioritárias, a seleção de sítios para a documentação básica de dados de biodiversidade, o teste de hipóteses sobre biogeografia, melhoria de bases científicas para as avaliações regionais e globais de ameaça e o teste e monitoramento do sistema de áreas protegidas. A integração destes diferentes níveis de investigação básica e aplicada irá reduzir efeitos de modificações taxonômicas no conjunto de espécies de interesse para a conservação, efeitos de mudanças na categoria de espécies ameaçadas e evitar os efeitos drásticos da entrada de grandes volumes de informação em estratégias de seleção de áreas realizadas com conjuntos pouco representativos de dados.

CONCLUSÕES

Em regiões ambientalmente heterogêneas, sujeitas a diferentes níveis de pressão antrópica, e contendo uma das biotas mais ricas do planeta, é nítido que ações de conservação devam englobar uma gama ampla de iniciativas. A seleção de áreas críticas deve basear-se em um conjunto abrangente de dados de espécies, de diferentes origens, diferentes graus de precisão, envolvendo táxons com diferentes níveis de ameaça e diferenças intrínsecas em ecologia e biogeografia. Os dados de distribuição de espécies, analisados em conjunto com variáveis ambientais informando sobre a disponibilidade de recursos e pressão antrópica irá, obviamente, gerar um conjunto bastante heterogêneo de áreas, que irão demandar uma gama bastante diversa de ações de conservação (Langhammer *et al.*, 2007). Tais ações deverão envolver desde a criação de áreas protegidas (com a posterior seleção detalhada de habitats e definição criteriosa dos padrões de distribuição em campo), preenchendo lacunas de proteção para espécies não representadas (ou mal representadas) no sistema de áreas protegidas, até a definição de regiões e localidades prioritárias para esforços de documentação de biodiversidade, refinando e complementando as bases de dados existentes. Estes inventários podem ser focados em espécies de interesse imediato, para as quais há necessidade de proteção mas não há dados precisos e atualizados de ocorrência, ou podem servir para o preenchimento de lacunas amplas de conhecimento, em regiões onde existem importantes remanescentes de habitat, mas onde não há dados básicos de composição faunística e distribuição de espécies (ver Funk *et al.*, 2002, ver lacunas de coleta no Brasil central em Costa *et al.*, 2007; Carmignotto, 2004).

Embora a criação de áreas protegidas seja a mais relevante e urgente iniciativa para a conservação da biodiversidade (Rodrigues *et al.*, 2004), novas áreas protegidas serão capazes apenas de mitigar uma parcela do problema. Desta forma, os resultados da seleção de áreas devem ser categorizados em termos de ações prioritárias, sendo que a definição das ações posteriores irá depender do status de vulnerabilidade, endemismo e grau de conhecimento sobre espécies-alvo em cada área, num processo dinâmico que vincule a seleção de áreas prioritárias a programas de compilação e busca de novos e melhores dados para ações futuras.

A seleção de áreas para a conservação é um processo dinâmico, e altamente dependente dos dados disponíveis para a análise (Margules *et al.*, 2002; Whittaker *et al.*, 2005). Desta forma, uma integração constante e a retroalimentação entre dados de base e seleção de

áreas é fundamental para bons resultados. O cuidado na obtenção e revisão dos dados de ocorrência de espécies, e sua interpretação criteriosa e baseada em dados objetivos, irá refletir em todas as fases do processo de seleção de áreas, fortalecendo o elo entre conservação e ciência básica de documentação da diversidade, provendo fundamentos imprescindíveis para ações de conservação calcadas no melhor entendimento dos padrões e processos evolutivos, componentes essenciais da biodiversidade.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos José Alexandre Felizola Diniz-Filho e José Maria Cardoso da Silva pelo convite e gentileza de incluir nosso artigo nesse volume especial. Agradecemos também à FAPESP, CAPES e CNPq pelos auxílios à pesquisa e bolsas concedidas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agapow, P. 2005. Species: demarcation and diversity. Pages 57-75 in A. Purvis, J.L. Gittleman, and T. M. Brooks, editors. *Phylogeny and Conservation*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Aleixo, A. 2009. Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação. *Megadiversidade* 5(1): 87-95.
- Araujo, M.B. & A. Guisan. 2006. Five (or so) challenges for species distribution modelling. *Journal of Biogeography* 33: 1677-1688.
- Araújo, M.B., C.J. Humphries, P.J. Densham, R. Lampinen, W.J.M. Hagemeyer, A.J. Mitchell-Jones & J.P. Gasc. 2001. Would environmental diversity be a good surrogate for species diversity? *Ecography* 24: 103-110.
- Ávila-Pires, T.C.S. 1995. Lizards of Brazilian Amazonia (Reptilia: Squamata). *Zoologische Verhandelingen, Leiden* 1995: 3-706.
- Bini, L.M., J.A.F. Diniz-Filho, T.F.L.V.B. Rangel, R.P. Bastos & M.P. Pinto. 2006. Challenging Wallacean and Linnean shortfalls: knowledge gradients and conservation planning in a biodiversity hotspot. *Diversity and Distributions* 12: 475-482.
- Brooks, T., A. Balmford, N. Burgess, L.A. Hansen, J. Moore, C. Rahbek, P. Williams, L. A. Bennun, A. Byaruhanga, P. Kasoma, P. Njoroge, D. Pomeroy & M. Wondafrash. 2001. Conservation priorities for birds and biodiversity: do East African Important Bird Areas represent species diversity in other terrestrial vertebrate groups? *Ostrich* 15: 3-12.
- Brooks, T., G.A.B. Fonseca & A.S.L. Rodrigues. 2004. Species, data, and conservation planning. *Conservation Biology* 18: 1682-1688.
- Brooks, T.M., R.A. Mittermeier, G.A.B. Fonseca, J. Gerlach, M. Hoffmann, J.F. Lamoreux, C.G. Mittermeier, J.D. Pilgrim & A.S.L. Rodrigues. 2006. Global Biodiversity Conservation Priorities. *Science* 313: 58-61.
- Bruner, A.G., R.E. Gullison, R.E. Rice & G.A.B. Fonseca. 2001. Effectiveness of parks in protecting tropical biodiversity. *Science* 291: 125-128.

- Buckup, P., N. Menezes & M. Ghazzi 2007. Catálogo das Espécies de Peixes de Água Doce do Brasil. Museu Nacional, Rio de Janeiro.
- Carmignotto, A.P. 2004. Pequenos mamíferos terrestres do bioma Cerrado: padrões faunísticos locais e regionais. Page 404. Departamento de Zoologia. Universidade de São Paulo, São Paulo.
- Costa, G.C., C. Nogueira, R.B. Machado & G.R. Colli. 2007. Squamate richness in the Brazilian Cerrado and its environmental – climatic associations. *Diversity and Distributions* 13: 714-724.
- Cowling, R.M., A.T. Knight, D.P. Faith, S. Ferrier, A.T. Lombard, A. Driver, M. Rouget, K. Maze & P.G. Desmet. 2004. Nature conservation requires more than a passion for species. *Conservation Biology* 18: 1674-1677.
- Cracraft, J. 1997. Species concepts in systematics and conservation biology - an ornithological viewpoint. Pages 325-339 in M. F. Claridge, H. A. Dawah, and M. R. Wilson, editors. *Species: the Units of Biodiversity*, London.
- Eken, G., L. Bennun, T.M. Brooks, W. Darwall, L.D.C. Fishpool, M. Foster, D. Knox, P. Langhammer, P. Matiku, E. Radford, P. Salaman, W. Sechrest, M.L. Smith, S. Spector & A. Tordoff. 2004. Key biodiversity areas as site conservation targets. *Bioscience* 54: 1110-1118.
- Faith, D.P. 2002. Quantifying Biodiversity: a Phylogenetic Perspective. *Conservation Biology* 16: 248-252.
- Faith, D.P. & P.A. Walker. 1996. Environmental diversity: On the best-possible use of surrogate data for assessing the relative biodiversity of sets of areas. *Biodiversity and Conservation* 5: 399-415.
- Ferrier, S. 2002. Mapping spatial pattern in biodiversity for regional conservation planning: where to from here? *Systematic Biology* 51: 331-363.
- Funk, V.A., K. Richardson & S. Ferrier. 2005. Survey-gap analysis in expeditionary research: where do we go from here? *Biological Journal of the Linnean Society* 85: 549-567.
- Funk, V.A. & K.S. Richardson. 2002. Systematic data in biodiversity studies: Use it or lose it. *Systematic Biology* 51: 303-316.
- Gaston, K.J. 1998. Rarity as double jeopardy. *Nature* 394:229-230.
- Graham, C.H., S. Ferrier, F. Huettman, C. Moritz & A.T. Peterson. 2004. New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. *Trends in Ecology & Evolution* 19: 497-503.
- Hey, J., R.S. Waples, M.L. Arnold, R.K. Butlin & R.G. Harrison. 2003. Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 597-603.
- Higgins, J.V., T.H. Ricketts, J.D. Parrish, E. Dinerstein, G. Powell, S. Palminteri, J.M. Hoekstra, J. Morrison, A. Tomasek & J. Adams. 2004. Beyond Noah: Saving species is not enough. *Conservation Biology* 18: 1672-1673.
- IUCN 2001. IUCN Red List Categories and Criteria - version 3.1. IUCN - The World Conservation Union, Gland, Switzerland.
- Knight, A.T., R.J. Smith, R.M. Cowling, P.G. Desmet, D.P. Faith, S. Ferrier, C.M. Gelderblom, H. Grantham, A.T. Lombard, K. Maze, J.L. Nel, J.D. Parrish, G.Q.K. Pence, H.P. Possingham, B. Reyers, M. Rouget, D. Roux & K.A. Wilson. 2007. Improving the Key Biodiversity Areas Approach for Effective Conservation Planning. *Bioscience* 57: 256-261.
- Lamoreux, J.F., J.C. Morrison, T.H. Ricketts, D.M. Olson, E. Dinerstein, M.W. McKnight & H.H. Shugart. 2005. Global tests of biodiversity concordance and the importance of endemism. *Nature* 440: 212-214.
- Langhammer, P.F., M.I. Bakarr, L.A. Bennun, T.M. Brooks, R.P. Clay, W. Darwall, N. De Silva, G.J. Edgar, G. Eken, L.D.C. Fishpool, G.A.B. Fonseca, M.N. Foster, D.H. Knox, P. Matiku, E.A. Radford, A.S.L. Rodrigues, P. Salaman, W. Sechrest & A.W. Tordoff. 2007. Identification and Gap Analysis of Key Biodiversity Areas: Targets for Comprehensive Protected Area Systems, Gland.
- Lewinsohn, T. & P.I. Prado. 2005. Quantas espécies há no Brasil? *Megadiversidade* 1: 36-42.
- Lombard, A.T., R.M. Cowling, R.L. Pressey & A.G. Rebelo. 2003. Effectiveness of land classes as surrogates for species in conservation planning for the Cape Floristic Region. *Biological Conservation* 112: 45-62.
- Lombard, A.T., C. Hilton-Taylor, A.G. Rebelo, R.L. Pressey & R.M. Cowling. 1999. Reserve selection in the Succulent Karoo, South Africa: coping with high compositional turnover. *Plant Ecology* 142: 35-55.
- Loyola, R.D., U. Kubota & T. Lewinsohn. 2007. Endemic vertebrates are the most effective surrogates for identifying conservation priorities among Brazilian ecoregions. *Diversity and Distributions* 13: 389-396.
- Mace, G. M. 2004. The role of taxonomy in species conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* 359: 711-719.
- Machado, R.B., M.B. Ramos Neto, M.B. Harris, R. Lourival & L.M.S. Aguiar. 2004. Análise de lacunas de proteção da biodiversidade no Cerrado – Brasil. Pages 29-38. Anais do IV Congresso Brasileiro de Unidades de Conservação. Volume II – Seminários Fundação O Boticário de Proteção à Natureza e Rede Nacional Pró Unidades de Conservação, Curitiba, PR.
- Margules, C.R. & R.L. Pressey. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.
- Margules, C.R., R.L. Pressey & P. H. Williams. 2002. Representing biodiversity: data and procedures for identifying priority areas for conservation. *Journal of Bioscience* 27: 309-326.
- MMA. 2003. Lista das espécies da fauna brasileira ameaçada de extinção. Instrução Normativa no 3 de 27/mar/2003. Ministério do Meio Ambiente - MMA, Brasília, DF.
- Myers, N., R.A. Mittermeier, C.G. Mittermeier, G.A.B. Fonseca & J. Kent. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403: 853-858.
- Nogueira, C. 2006. Diversidade e padrões de distribuição da fauna de lagartos do Cerrado. Page 295. Departamento de Ecologia. Universidade de São Paulo, São Paulo.
- Noss, R.F., H.B. Quigley, M.G. Hornocker, T. Merrill & P.C. Paquet. 1996. Conservation biology and carnivore conservation in the Rocky Mountains. *Conservation Biology* 10: 949-963.
- Olson, D. & E. Dinerstein. 1998. The Global 200: a representation approach to conserving the Earth's distinctive ecoregions. Page 152. World Wildlife Fund - US, Washington DC.
- Paglia, A.P., A. Paese, L. Bedê, M. Fonseca, R.B. Machado, L.P. Pinto & I.R. Lamas. 2004. Lacunas de conservação e áreas insubstituíveis para vertebrados ameaçados da Mata Atlântica. Anais do IV Congresso Brasileiro de Unidades de Conservação. Fundação O Boticário de Proteção à Natureza, Curitiba.
- Pearson, R.G., C.J. Raxworthy, M. Nakamura & A. Townsend Peterson. 2007. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography* 34: 102-117.

- Pimenta, B.V.S., C.F.B. Haddad, L.B. Nascimento, C.A.G. Cruz & J.P. Pombal, Jr. 2005. Comment on "Status and Trends of Amphibian Declines and Extinctions Worldwide". *Science* 309: 1999b.
- Pimm, S.L., G.J. Russell, J.L. Gittleman & T.M. Brooks. 1995. The future of biodiversity. *Science* 269: 347-350.
- Possingham, H.P., S.J. Andelman, M.A. Burgman, R.A. Medellin, L.L. Master & D.A. Keith. 2002. Limits to the use of threatened species lists. *Trends in Ecology & Evolution* 17: 503-507.
- Pressey, R.L., C.J. Humphries, C.R. Margules, R.I. Vane-Wright & P.H. Williams. 1993. Beyond opportunism - key principles for systematic reserve selection. *Trends in Ecology & Evolution* 8: 124-128.
- Purvis, A., J.L. Gittleman & T. Brooks 2005. *Phylogeny and Conservation*. Cambridge University Press, Cambridge.
- Raxworthy, C.J., E. Martinez-Meyer, N. Horning, R.A. Nussbaum, G.E. Schneider, M.A. Ortega-Huerta & A.T. Peterson. 2003. Predicting distributions of known and unknown reptile species in Madagascar. *Nature* 426: 837-841.
- Rodrigues, A.S.L., H.R. Akçakaya, S.J. Andelman, M.I. Bakarr, L. Boitani, T.M. Brooks, J.S. Chanson, L.D.C. Fishpool, G.A.B. Fonseca, K.J. Gaston, M. Hoffmann, P.A. Marquet, J.D. Pilgrim, R.L. Pressey, J. Schipper, W. Sechrest, S.N. Stuart, L.G. Underhill, R.W. Waller, M.E.J. Watts & X. Yan. 2004. Global gap analysis - priority regions for expanding the global protected area network. *BioScience* 54: 1.092-1.100.
- Rouget, M., D.M. Richardson, R.M. Cowling, J.W. Lloyd & A.T. Lombard. 2003. Current patterns of habitat transformation and future threats to biodiversity in terrestrial ecosystems of the Cape Floristic Region, South Africa. *Biological Conservation* 112: 63-85.
- Slatyer, C., D. Rosauer & F. Lemckert. 2007. An assessment of endemism and species richness patterns in the Australian Anura. *Journal of Biogeography* 34: 583-596.
- Stattersfield, A.J., M.J. Crosby, A.J. Long & D.C. Wege 1998. *Endemic Bird Areas of the World: Priorities for Biodiversity Conservation*. BirdLife International, Cambridge.
- Tognelli, M.F. 2005. Assessing the utility of indicator groups for the conservation of South American terrestrial mammals. *Biological Conservation* 121: 409-417.
- Webb, T.J. & K.J. Gaston. 2000. Geographic range size and evolutionary age in birds. *Proceedings of the Royal Society of London Series B-Biological Sciences* 267: 1843-1850.
- Wege, D.C. & A.J. Long 1995. *Key Areas for Threatened Birds in the Neotropics*. BirdLife International, Cambridge.
- Whittaker, R., M.B. Araújo, P. Jepson, R.J. Ladle, J.E.M. Watson & K.J. Willis. 2005. *Conservation biogeography: assessment and prospect* Diversity and Distributions 11: 3-23.
- Wiens, J.J. 2004. What is speciation and how should we study it? *American Naturalist* 163: 914-923.
- Williams, P.H., C.R. Margules & D.W. Hilbert. 2002. Data requirements and data sources for biodiversity priority area selection. *Journal of Biosciences* 27: 327-338.
- Wilson, E. O. 1999. *The diversity of life*. W.W. Norton & Company, Londres, UK.

Integrando padrões e processos para planejar sistemas regionais de unidades de conservação

RICARDO BOMFIM MACHADO^{1 + *}
MÁRIO BARROSO RAMOS NETO¹
SANDRO MENEZES SILVA²
GEORGE CAMARGO²
ELAINE PINTO²
RAFAEL LUIS FONSECA¹
CRISTIANO NOGUEIRA^{1 +}
ANA PIMENTA RIBEIRO¹

¹ Conservação Internacional, Brasília, Brasil.

² Conservação Internacional, Campo Grande, Brasil.

⁺ Endereço atual: Departamento de Zoologia, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Campus Darcy Ribeiro, Brasília, Brasil.

* e-mail: rbmac@unb.br

RESUMO

A conservação da biodiversidade é um dos grandes desafios da humanidade, não somente pela dificuldade de compatibilização entre o uso racional dos recursos e o desenvolvimento, mas também pela complexidade que o termo abrange. A biodiversidade não se refere apenas às espécies, mas também à variabilidade genética, grupos, subespécies, populações, ecossistemas, paisagens, biomas e processos ecológicos associados. Tradicionalmente, a abordagem dos conservacionistas tem sido focada ou em espécies (ameaçadas, endêmicas ou raras) ou em ecossistemas. Contudo, pouco se tem avançado na proteção de processos ecológicos que são fundamentais para a manutenção da dinâmica dos ecossistemas, espécies e suas populações. Parte da dificuldade reside no fato dos processos ocorrerem em diferentes escalas geográficas e temporais, como processos locais (polinização, predação, competição), regionais (dispersão de indivíduos) ou ainda mais amplos (migração de espécies, especiação). Outro empecilho considerável para a inclusão dos processos ecológicos em esquemas de conservação é o mapeamento dos mesmos. Ao contrário da distribuição de espécies e devido à complexidade do tema, o mapeamento dos processos requer uma boa dose de extrapolação e estudos mais detalhados, muitas vezes de longo prazo. Para ilustrar a possibilidade da inclusão dos processos ecológicos em esquemas de priorização de áreas para a conservação, utilizamos dois tipos de informação espaciais que fossem indicadores da ocorrência de processos hidrológicos no Pantanal: áreas de nascentes e áreas de produtividade primária. Integramos essas informações espaciais com dados de ocorrência de espécies ameaçadas e tipos de vegetação e usamos a abordagem do planejamento sistemático para a conservação para produzir um mapa de áreas insubstituíveis na bacia do rio Negro. O exercício foi bastante útil para entendermos os desafios e as potencialidades do uso de mapas representativos dos processos ecológicos no planejamento para conservação de regiões naturais.

ABSTRACT

Biodiversity conservation is one of the current challenges in biological sciences, not only due to the difficulties in integrating biodiversity and human development, but also due to the complexity of representing biodiversity itself. Biodiversity is not only formed by species, but also by genetic diversity, groups of individuals, populations, communities, ecosystems, landscapes, biomes and associated ecological processes. Traditionally, biodiversity conservation is heavily focused on the maintenance of patterns and very few conservation planning exercises incorporate information on biological processes. Since processes are essential to ensure biodiversity persistence, these should be an integral part of planning schemes. Part of the limitations on the integration of ecological processes on the systematic planning process is related with the difficulties in mapping these processes. Unlike more objective attributes such as species or ecosystems, ecological process mapping may require some extrapolation and detailed information on its scale or influence. To illustrate the possibility to incorporate ecological process on conservation planning schemes, we consider here two sets of spatial information as indicators of the occurrence of hydrological process on the Pantanal: headstream areas and permanent water bodies important to maintain the inundation pulse on the region, and areas with high gross primary productivity, assumed as important for population dynamics of aquatic and riparian organisms. We integrated such set of information with species occurrence data (threatened and restricted range species) and a map with different vegetation types (as a surrogate for ecosystems) in order to produce an irreplaceability map of the Rio Negro region, Pantanal. The exercise allows us to understand the challenges and advantages of the use of representative maps of ecological process in a systematic conservation planning framework.

INTRODUÇÃO

A conservação da biodiversidade tem sido planejada e promovida basicamente com a representação de padrões de ocorrência de espécies (Danielsen & Treadaway, 2004; Eken *et al.*, 2004; Rodrigues *et al.*, 2004) ou de ecossistemas (Noss, 1996; Pressey *et al.*, 2000; Reyers *et al.*, 2001) ou ambos (Cowling & Pressey, 2003; Balmford, 2003; Pressey *et al.*, 2003). Mesmo considerando que os processos ecológicos fazem parte da biodiversidade, eles não têm sido considerados como objetos de conservação na maior parte dos estudos de priorização de áreas ou mesmo nos objetivos da Convenção sobre Diversidade Biológica. Criada em 1992, a CBD apresenta a biodiversidade como um conceito hierárquico, composto de três níveis primários de organização a serem protegidos: genes, espécies e ecossistemas (MMA, 2000). Contudo, os processos ecológicos só foram formalmente considerados objetos de conservação com a aprovação do Programa de Trabalho em Áreas Protegidas na Sétima Conferência das Partes (UNEP-CDB 2004). No plano, recomenda-se que cada Parte avalie seu sistema de áreas protegidas e considere como critérios relevantes a insubstituibilidade e os requerimentos mínimos para a manutenção de processos migratórios, integridade, processos ecológicos e serviços ecossistêmicos (atividade sugerida número 1.1.5).

Processos ecológicos, que são as diversas relações contínuas ou esporádicas que os componentes da biodiversidade mantêm entre si ou isoladamente, fazem parte da biodiversidade, sendo essenciais para assegurar a manutenção da mesma ao longo do tempo. Exemplos de processos ecológicos incluem aqueles que ocorrem na escala local, como a polinização e a predação, na escala regional, como a dispersão de sementes e pequenos movimentos de migração, ou na escala global, como a migração ou os processos evolutivos. Alguns autores (Reyers *et al.*, 2002; Rouget *et al.*, 2003) sugerem que a biodiversidade somente poderá ser mantida no longo prazo se os processos ecológicos e evolutivos forem incluídos nos esquemas de conservação.

A manutenção de comunidades, de ecossistemas íntegros e dos processos ecológicos associados é condição básica para que as espécies e ecossistemas sejam mantidos no longo prazo, mas também para que esses mantenham outros processos abióticos. O pulso de inundação no Pantanal é um bom exemplo de processo hidrológico de origem abiótica, mas que apresenta uma total interdependência com a biodiversidade. Os pulsos de inundação no Pantanal variam bastante de ano a ano ou mesmo entre décadas (Hamilton *et al.*, 2002), mas a existência de comunidades de espécies e ecossistemas íntegros pode ser condição fundamental para a manutenção de tal processo. Áreas de cabeceiras de rios bem protegidas, cursos

d'água preservados e áreas de alagamento mantidas podem ser de fundamental importância para a existência do Pantanal, considerado a maior planície inundável do planeta com mais de 146.000km². O presente estudo teve como objetivo avaliar a inclusão de processos ecológicos em esquemas de planejamento regional da biodiversidade e para identificar os desafios e as potencialidades do uso de mapas representativos dos processos ecológicos em tais exercícios de planejamento.

MÉTODOS

Área de estudo

A região de estudos selecionada para a realização das análises foi a bacia do rio Negro, afluente da margem esquerda do rio Paraguai no estado do Mato Grosso do Sul. O rio Negro nasce na Serra de Maracaju, em área de Cerrado, e atravessa a planície do Pantanal no sentido

leste-oeste (Figura 1). Os ambientes naturais na região permanecem ainda pouco alterados, sendo que pouco mais de 27% das formações vegetais foram removidos (ver item "Análise de Fragmentação de Ecossistemas" abaixo). Predominam na região as formações vegetais savânicas, sendo que o cerrado sentido restrito, matas semidecíduas e campo cerrado ocorrem nas regiões mais elevadas (próximo à Serra de Maracaju) e as formações típicas do Pantanal (brejos e alagados com macrófitas, cordilheiras [formações de cerrado mais densas na divisa de lagoas e cursos d'água], campos úmidos, carandazais [com o predomínio da palmeira *Copernicia alba*] ocorrem na área de planície. A região é pertencente ao pantanal da Nhecolândia (Hamilton *et al.*, 1995), um tipo de paisagem pantaneira onde é bastante frequente a presença de baías e salinas (coleções d'água salobra). A bacia do rio Negro é tratada pela Conservação Internacional como um corredor de biodiversidade (Sanderson *et al.* 2003), onde ações de

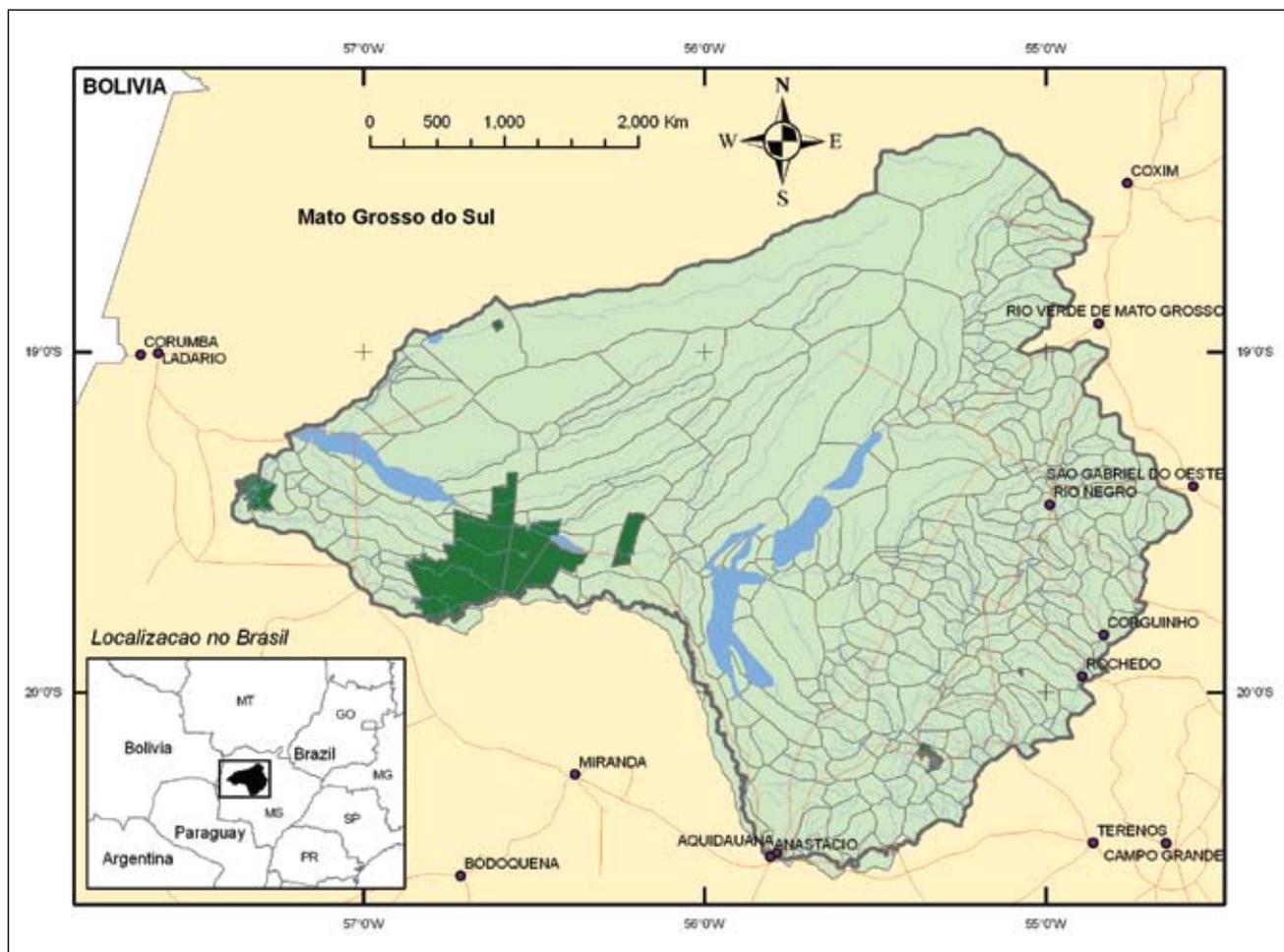


FIGURA 1 – Localização do Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro e divisão da região em unidades de planejamento. As áreas em verde escuro representam as unidades de conservação existentes.

proteção da biodiversidade e manejo da paisagem são conduzidas desde 2000. O Corredor possui aproximadamente 3,68 milhões de hectares, sendo que apenas 4,8% dessa área encontram-se protegidos por unidades de conservação. A maior das áreas é o Parque Estadual do Pantanal do Rio Negro, com 78.000 hectares. O Corredor abrange 12 municípios e uma população de pouco mais de 23 mil habitantes. A atividade econômica predominante é a pecuária. De acordo com o Censo Agropecuário realizado em 2006 pelo Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), existem cerca de 13 milhões de cabeças de gado, o que representa 23% do rebanho do estado do Mato Grosso do Sul.

Unidades de planejamento

O Corredor de biodiversidade Maracaju-Negro (CBMN) foi dividido em 347 unidades de planejamento (Figura 1), correspondentes às microbacias de captação. O mapa original das microbacias foi produzido pela Agência Nacional das Águas – ANA tendo como base mapas na escala 1:1.000.000. As unidades de planejamento (UP) são necessárias para a integração de diferentes tipos de informações espaciais e para o desenho de um sistema representativo de unidades de conservação. O mapa de microbacias foi cruzado com um mapa contendo as unidades de conservação existentes (incluindo unidades públicas e privadas) para a identificação daquelas porções territoriais disponíveis ou já reservadas para a conservação. Os mapas e tabelas necessários para a realização das análises foram preparados com o uso do programa CLUZ (*Conservation Land Use Zoning*) (Smith, 2004). A abordagem utilizada para a delimitação e subdivisão da região de estudos é semelhante àquela utilizada por Higgins *et al.* (2005), onde o Pantanal corresponderia à unidade aquática zoogeográfica, o Corredor de Biodiversidade corresponderia à unidade de drenagem ecológica e as microbacias corresponderiam aos sistemas ecológicos aquáticos.

Objetos e metas para conservação

Para a avaliação da eficiência do conjunto de unidades de conservação existentes no CBMN e para a identificação de áreas complementares para o desenho de um sistema representativo, selecionamos alguns componentes da biodiversidade considerados relevantes para a região. Entes esses componentes estão espécies de vertebrados terrestres (aves, mamíferos, anfíbios e répteis) e peixes ameaçados ou de distribuição restrita. Tais espécies correspondem aos critérios 1 e 2 sugeridos por Eken *et al.* (2004) para a identificação de áreas

importantes para a conservação da biodiversidade (mas ver Aleixo, neste volume). Além desses objetos de conservação, incluímos nas análises tipos diferentes de vegetação, áreas de expressiva produtividade primária e mapas contendo áreas consideradas importantes para a manutenção de processos hidrológicos da região (Tabela 2).

Espécies

Ao todo foram incluídas nas análises 35 espécies de peixes, anfíbios, répteis, aves e mamíferos consideradas globalmente ameaçadas (13 no total), quase ameaçadas (10 no total) ou não-ameaçadas (12 no total) (Tabela 1). As ocorrências das espécies foram mapeadas e representadas nas unidades de planejamento por meio de pontos. Como foi considerada somente a presença das espécies nas unidades de planejamento, descartamos os pontos adicionais ou redundantes para essa situação. Por requerimentos do programa utilizado no desenho de soluções espaciais de conservação (ver abaixo), cada espécie recebeu um peso correspondente ao seu grau de importância ou grau de ameaça. As espécies com status mais crítico de conservação receberam valores maiores do que as espécies com menor preocupação para a conservação (Tabela 1).

Tipos de vegetação

Uma vez que os registros das espécies encontram-se muito concentrados em poucas regiões do CBMN e tal situação poderia causar um viés nos resultados, optamos por também incluir os tipos de vegetação como objeto de conservação. Utilizamos o Mapa de Vegetação do Brasil (IBGE 1993) para representação dos tipos predominantes de vegetação ao longo do Corredor. Em cada unidade de planejamento calculamos a área ocupada pelos diferentes tipos de vegetação mapeados. Como metas de conservação, observamos aquilo que é estipulado pelo Código Florestal Brasileiro (Brasil 1965) para a proteção de ecossistemas nativos. Além dos 20% previstos na legislação para as reservas legais, acrescentamos mais 5% de proteção referente às áreas de preservação permanente. O peso considerado para esse tipo de objeto foi o mesmo para as espécies de menor preocupação para a conservação.

Coleções permanentes de água e nascentes de rios

A partir do mapa de hidrografia do Brasil ao Milionésimo (IBGE, 2003), selecionamos as áreas de inundação permanente no CBMN. Tais corpos d'água foram considerados objetos de conservação importantes para a manutenção

TABELA 1 – Relação dos objetos de conservação selecionados para o desenho de um sistema representativo de áreas protegidas no Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro. Os valores das metas e da ocorrência total das espécies considerados estão em número de registros e para os demais objetos, a representação está em hectares. A coluna “Meta” representa o total a ser protegido na região e a coluna “Peso” representa o grau de prioridade para a inclusão nas soluções espaciais. Observação sobre as categorias de conservação: LC = menor preocupação (*Less Concerning*), NE = não avaliado (*Not Evaluated*), NT = quase ameaçado (*Near Threatened*), VU = vulnerável (*Vulnerable*), EN = em perigo (*Endangered*), CR = criticamente em perigo (*Critically Endangered*).

TIPO DE OBJETO	GRUPO	NOME	META	PESO	PROTEÇÃO ATUAL	REGISTROS TOTAIS	% PROTEGIDA	STATUS
Ecossistemas	Ecossistemas	Savana Parque	143098	20	88440	476993	61,8	
Ecossistemas	Ecossistemas	Savana-arboreo-aberta	224118	20	79474	747061	35,5	
Ecossistemas	Ecossistemas	Savana-arboreo-densa	4	20	72806	821681	29,5	
Ecossistemas	Ecossistemas	Savana-Floresta-Transição	128534	20	119630	428448	93,1	
Ecossistemas	Ecossistemas	Savana-gramineo-lenhosa	342137	20	529750	1140458	154,8	
Espécies	Anfíbios	<i>Epipedobates braccatus</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Anfíbios	<i>Leptodactylus syphax</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Anfíbios	<i>Physalaemus fuscomaculatus</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Anfíbios	<i>Physalaemus nattereri</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Aves	<i>Alecturus tricolor</i>	1	60	1	1	100,0	VU
Espécies	Aves	<i>Alipiopsitta xanthops</i>	2	40	2	2	100,0	NT
Espécies	Aves	<i>Anodorhynchus hyacinthinus</i>	4	80	11	21	275,0	EN
Espécies	Aves	<i>Campephilus leucopogon</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Aves	<i>Harpyhaliaetus coronatus</i>	2	80	2	2	100,0	EN
Espécies	Aves	<i>Herpsilochmus longirostris</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Aves	<i>Oryzoborus maximiliani</i>	1	40	1	1	100,0	NT
Espécies	Aves	<i>Polystictus pectoralis</i>	2	40	2	4	100,0	NT
Espécies	Aves	<i>Sporophila cinnamomea</i>	2	60	2	2	100,0	VU
Espécies	Aves	<i>Sporophila melanogaster</i>	1	40	1	1	100,0	NT
Espécies	Aves	<i>Sporophila nigrorufa</i>	1	60	1	1	100,0	VU
Espécies	Aves	<i>Sporophila palustris</i>	1	80	1	1	100,0	EN
Espécies	Aves	<i>Thamnophilus sticturus</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Mamíferos	<i>Blastocerus dichotomus</i>	3	60	5	7	166,7	VU
Espécies	Mamíferos	<i>Chrysocyon brachyurus</i>	3	40	5	8	166,7	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Clyomys bishopi</i>	1	60	1	1	100,0	VU
Espécies	Mamíferos	<i>Dasyprocta azarae</i>	4	60	11	16	275,0	VU
Espécies	Mamíferos	<i>Leopardus pardalis</i>	4	20	11	19	275,0	LC
Espécies	Mamíferos	<i>Leopardus tigrinus</i>	2	40	2	3	100,0	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Myrmecophaga tridactyla</i>	4	40	10	13	250,0	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Natalus stramineus</i>	1	20	1	1	100,0	LC
Espécies	Mamíferos	<i>Oncifelis colocolo</i>	2	40	2	4	100,0	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Ozotoceros bezoarticus</i>	1	20	1	1	100,0	NE
Espécies	Mamíferos	<i>Panthera onca</i>	3	40	3	6	100,0	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Priodontes maximus</i>	2	60	2	3	100,0	VU
Espécies	Mamíferos	<i>Pteronura brasiliensis</i>	4	80	7	16	175,0	EN
Espécies	Mamíferos	<i>Puma concolor</i>	4	40	7	11	175,0	NT
Espécies	Mamíferos	<i>Speothos venaticus</i>	2	60	2	2	100,0	VU
Espécies	Mamíferos	<i>Tapirus terrestris</i>	4	60	11	20	275,0	VU
Espécies	Peixes	<i>Apteronotus caudimaculosus</i>	1	20	1	1	100,0	NE
Espécies	Répteis	<i>Bronia bedai</i>	1	20	1	1	100,0	NE
Processos	Processos	Brejo 1	2207	20	2942	2942	133,3	
Processos	Processos	Brejo 2	33038	20	37625	44051	113,9	
Processos	Processos	Brejo 3	15447	20	18845	20596	122,0	
Processos	Processos	Brejo 4	7224	20	7651	9632	105,9	
Processos	Processos	Brejo 5	23533	20	22406	31377	95,2	
Processos	Processos	Brejo 6	1108	20	1383	1477	124,8	
Processos	Processos	Nascentes	124	40	32	165	25,8	
Processos	Processos	Produtividade	97732	40	97604	130309	99,9	

TABELA 2 – Racionalidade para a escolha dos objetos de conservação, metas e fontes básicas dos dados.

TIPO DE OBJETO	RACIONALIDADE	FONTE PRIMÁRIA DE DADOS	METAS ESTABELECIDAS	REFERÊNCIA
Espécies ameaçadas de extinção	Organismos que possuem uma maior probabilidade de desaparecimento caso ações de conservação não sejam implementadas	Base de dados da Conservação Internacional	Todas as ocorrências até dois registros, metade das ocorrências até quatro registros e 25% das ocorrências para os demais casos	Eken <i>et al.</i> (2004)
Espécies de distribuição restrita	Organismos típicos e restritos a determinadas regiões, sendo que a proteção de suas populações somente pode ser feita em poucos locais	Base de dados da Conservação Internacional	Idem acima	Eken <i>et al.</i> (2004)
Tipos de vegetação	Uma vez que os registros de espécies são muito concentrados em determinadas regiões, o mapa de vegetação atua como um “substituto” da biodiversidade	Mapa de Vegetação do Brasil (agrupados por classes de vegetação)	25% da área de cada formação vegetal, em observação ao que dispõe o Código Florestal Brasileiro	IBGE (1993)
Nascentes de rios	As nascentes dos rios que abastecem a região são importantes para a manutenção do pulso de inundação sazonal observado no Corredor de Biodiversidade	Mapa de hidrografia da Agência Nacional de Águas - ANA	75% de todas as nascentes, representadas por pontos	ANA (www.ana.gov.br)
Brejos permanentes	Os brejos que são perenes foram considerados importantes para a regulação e a manutenção do pulso de inundação da região	Mapa do Brasil ao Milionésimo - IBGE	75% da área ocupada pelos brejos	IBGE (2003)
Produtividade primária	Áreas com intensa atividade fotossintética (grande produtividade primária) podem ser responsáveis pela manutenção de espécies (vide van Rensburg e Chow [2002] para detalhes) ou de ciclos de carbono	Imagens do sensor MODIS, produto MOD17a	75% da área ocupada pelas áreas de expressiva produtividade primária	NASA (http://edcimswww.cr.usgs.gov/pub/imswelcome)

dos processos hidrológicos (Tabela 2) e, desta forma, foram incorporados no planejamento de conservação para a região. Como meta de conservação, estipulamos que 75% da área ocupada por essas formações deveriam fazer parte dos cenários de conservação para a região. O peso considerado para a priorização foi o mesmo dos ecossistemas (Tabela 1).

Áreas de nascentes dos rios do CBMN

Com base no mapa de hidrologia da região (base da Agência Nacional de Águas [ANA, 2006]), mapeamos todas as nascentes dos rios e córregos existentes no CBMN. Em cada unidade de planejamento calculamos a frequência de nascentes existentes e aplicamos uma meta de conservação de 75% do total de nascentes mapeadas (Tabela 2). O peso considerado para a priorização foi o mesmo dos ecossistemas e dos brejos permanentes (Tabela 1).

Áreas de alta produtividade primária

Com base no uso de imagens do sensor MODIS do satélite Terra (produto MOD17a) identificamos as áreas com expressiva produtividade primária em comparação com a variação anual observada entre dois períodos. Utilizamos imagens de Abril/2001 (final do período de cheia) e Agosto/2001 (final do período de seca), sendo que essas foram comparadas em relação aos valores correspondentes à produtividade primária. Selecionamos as regiões que apresentaram alta produtividade nos dois períodos observados. Para tanto, agrupamos os valores das duas imagens em cinco classes e sobrepusemos as classes com os maiores valores de ambas as imagens. Calculamos a área ocupada pelas regiões de alta produtividade primária em cada unidade de planejamento e aplicamos uma meta de 75% de proteção para esse objeto (Tabela 2). O peso considerado para priorização foi o mesmo dos ecossistemas, brejos e nascentes (Tabela 1).

Análise de fragmentação de ecossistemas

Como parte do processo de priorização de regiões para a conservação, realizamos uma análise utilizando cinco variáveis associadas com a fragmentação: área total remanescente em cada micro-bacia, número de fragmentos (considerando uma distância mínima de 250 metros entre conjuntos de *pixels*), tamanho médio dos fragmentos, índice de forma (razão entre a área e o perímetro dos fragmentos) e a distância média para o vizinho-mais-próximo. Todas essas métricas foram calculadas com o programa Patch Analyst 3.0 (Rempel, 2006) e utilizamos como base imagens do sensor MODIS datadas de Abril, Maio, Junho e Julho. As bandas das imagens dessas datas (*near-infrared*, *red* e *middle-infrared*) foram utilizadas em uma análise de classificação não-supervisionada (método ISOCUSTER) com o uso do programa Idrisi versão Andes (Eastman, 2006). Foram geradas 30 classes que foram posteriormente agrupadas manualmente para classes de nativas ou áreas antropizadas. Para auxiliar esse processo, utilizamos uma composição colorida (RGB para as bandas 4, 5 e 3 respectivamente) de imagens Landsat datadas de Agosto de 2002. Após a extração das variáveis de fragmentação, utilizamos o programa Statistica (StatSoft, 2003) para realizar uma análise de componentes principais. O objetivo da análise foi ordenar as micro-bacias em função do estado de fragmentação com base nos escores do primeiro componente.

Simulações com o programa MARXAN

Com a elaboração de todas as bases de dados, utilizamos o programa MARXAN (Ball & Possingham 2000) para a seleção das áreas complementares para a formação de um sistema representativo de unidades de conservação. O MARXAN foi programado para gerar 500 cenários de conservação e todos os resultados foram representados em um mapa sintético. Utilizamos a opção *summed solution* como indicador da insubstituibilidade [*sensu* Pressey *et al.* (1993)] das micro-bacias do Corredor, sendo que consideramos de alta insubstituibilidade todas as micro-bacias com uma frequência de seleção igual ou superior à média adicionada de um desvio-padrão. Para a seleção de prioridades, combinamos as duas classes de insubstituibilidade (alta e baixa) com duas classes de fragmentação (valores positivos e negativos dos escores do primeiro componente gerado pela PCA). Após a identificação das áreas com maior insubstituibilidade, selecionamos algumas micro-bacias secundárias (com baixa importância para o cumprimento das metas de conservação) para compor cenários de conectividade na região. Com base nessas seleções, criamos três cenários possíveis para a região dos objetos selecionados e criação de conexões entre as áreas importantes para a conservação.

TABELA 3 – Resultado da análise de representatividade dos objetos de conservação considerados no estudo. O termo “Lacuna” foi atribuído aos objetos com menos de 5% da meta atendida pelas unidades de conservação existentes. O termo “Parcial” refere-se aos objetos com meta atingida entre 5% e menos que 100% e o termo “Adequada” refere-se ao cumprimento das metas pelas unidades de conservação existentes.

OBJETOS	ATENDIMENTO DAS METAS		
	LACUNA	PARCIAL	ADEQUADA
Peixes	1		
Anfíbios	4		
Répteis	1		
Aves	10	1	2
Mamíferos	6	10	
Nascentes		1	
Produtividade		1	
Ecossistemas	2	3	
Brejos	5	1	
Total	29	17	2
Porcentagem	60,4%	35,4%	4,2%

RESULTADOS

No Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro existem oito unidades de conservação que totalizam 134.258 hectares. Além de esse conjunto representar apenas 3,6 % da área do CBMN, as unidades estão bastante agrupadas na porção oeste do corredor. Tal disposição espacial possibilita apenas uma conservação parcial dos objetos de conservação definidos para o CBMN. A avaliação da eficiência das unidades de conservação na consecução das metas de conservação estabelecidas demonstrou que apenas 4,2% dos objetos considerados estão adequadamente protegidos pelas áreas existentes (Tabela 3). A maior parte dos objetos (29 ou 60,4%) corresponde a lacunas de conservação na região de estudos. Os demais objetos (17 ou 35,4%) estão parcialmente protegidos pelas unidades de conservação existentes. Proporcionalmente o grupo dos mamíferos é aquele com melhor representação no conjunto de unidades de conservação existentes (Tabela 3).

Os objetos de maior interesse nesse ensaio, ou seja, aqueles que contribuem para a manutenção dos processos ecológicos (brejos permanentes e nascentes) encontram-se pobremente representados nas unidades de conservação existentes. Apenas um dos seis brejos permanentes mapeados está parcialmente presente em uma unidade de conservação. Os demais representam lacunas de conservação. No caso das nascentes, apenas 10 das 124 indicadas para proteção estão protegidas pelo conjunto de unidades da região.

Para assegurar que todos os objetos de conservação estejam minimamente representados nas unidades de conservação (cumprimento das metas acima de 10% do valor estabelecido) será necessário criar áreas protegidas nas diversas porções do corredor. De um total de 301 micro-bacias disponíveis para o estabelecimento de áreas protegidas, onde estão distribuídos os objetos, um conjunto mínimo de 37 micro-bacias (12,2% do total) seria suficiente para a inclusão de todos os objetos selecionados. Como esse conjunto ainda representa uma área considerável (cerca de 668.000 hectares de áreas nativas remanescentes), ainda é possível estabelecer prioridades.

A análise de fragmentação indicou que um total de 201 micro-bacias que podem ser classificadas como fragmentadas. Os dois primeiros componentes gerados pela PCA abrangem 72% da variância observada nas cinco variáveis originais. Duas variáveis, NUMP (número de fragmentos) e MNN (distância média do vizinho mais

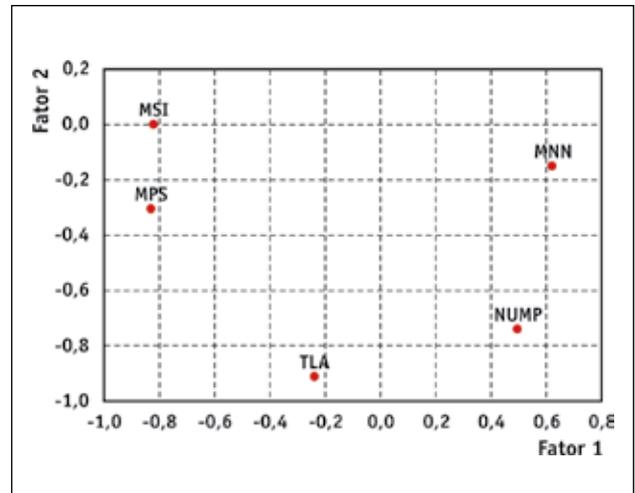


FIGURA 2 – Relação entre as variáveis selecionadas para caracterizar o estado de fragmentação do Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro e os dois primeiros componentes gerados pela PCA.

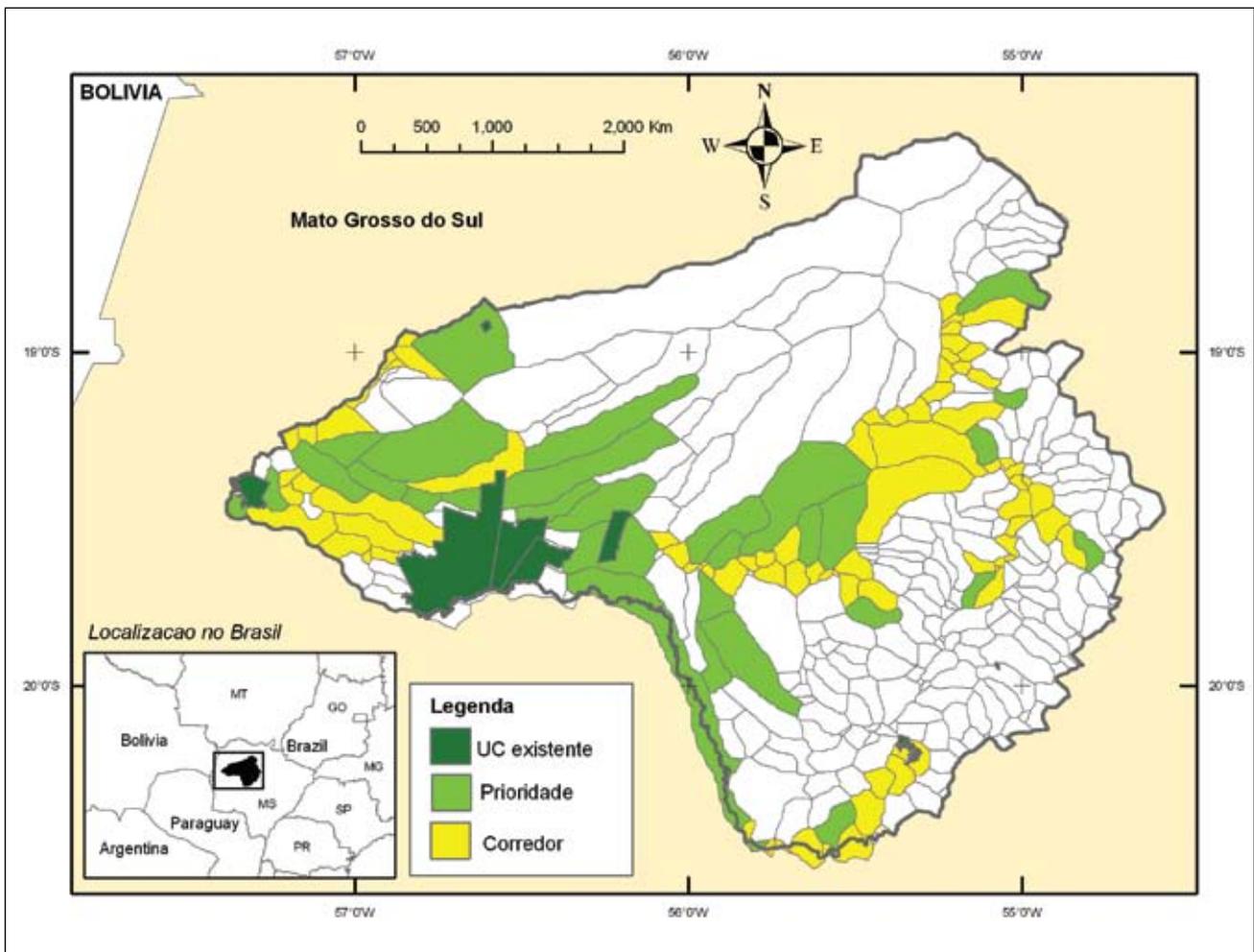


FIGURA 3 – Cenários de conservação para o Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro.

próximo) correlacionaram-se positivamente com o primeiro componente e as demais, MSI (média do índice de forma), MPS (tamanho médio dos fragmentos) e TLS (área total remanescente) correlacionaram-se negativamente (Figura 2). O primeiro componente foi capaz de separar as micro-bacias fragmentadas (que obtiveram escores positivos no primeiro componente) daquelas não-fragmentadas (que obtiveram escores negativos no primeiro componente) (Figura 2). Com isto foi possível classificar as micro-bacias em dois grupos (fragmentadas e não-fragmentadas) para o cruzamento com as micro-bacias de alta insubstituibilidade daquelas de baixa insubstituibilidade.

Tomando como prioridade as micro-bacias com alta insubstituibilidade e ao mesmo tempo fragmentadas, teremos um total de 12 micro-bacias que deveriam ser protegidas ou manejadas imediatamente. Caso esse conjunto de micro-bacias fosse protegido, seria possível assegurar a proteção de 44 dos 48 objetos de conservação selecionados para esse exercício. Para a inclusão dos quatro objetos remanescentes seriam necessárias outras quatro micro-bacias, embora existam 26 opções espaciais para a inclusão desses objetos em uma solução espacial. Desta forma, o conjunto mínimo de 16 áreas necessárias para a criação de um sistema representativo no CBMN totaliza 320.936 hectares, ou 8,7% da área do corredor (Figura 3a).

As demais áreas existentes, ou seja, as micro-bacias de baixa insubstituibilidade podem compor um cenário de conservação da região por meio da manutenção de conexões entre as micro-bacias prioritárias e as demais unidades de conservação existentes. Como o objetivo maior foi a avaliação de áreas importantes para os processos hidrológicos, selecionamos as micro-bacias que poderiam desempenhar tal papel. O resultado indicou que outras 100 micro-bacias poderiam ser selecionadas para formar uma rede integrada de conexões espaciais (Figura 3b).

DISCUSSÃO

O uso da abordagem do planejamento sistemático para a conservação tem sido bastante disseminado em várias regiões do planeta. A identificação de prioridades, contudo, é bastante dependente dos dados utilizados. No caso do Corredor de Biodiversidade Maracaju-Negro, os dados básicos sobre espécies resumem-se a poucos grupos de vertebrados e estão restritos a apenas dados de presença. A priorização de regiões nessas condições tenderá a destacar apenas os locais onde existem informações

sobre as espécies. A inclusão de informações espaciais adicionais, como os tipos de vegetação, tende a contornar tal problema, embora a eficiência de tal abordagem seja ainda bastante discutida. Brooks *et al.* (2004) argumentam que os dados de espécies devem formar a base de qualquer planejamento voltado para a conservação da biodiversidade em função da maior precisão na definição de metas de conservação. Os autores argumentam que o estabelecimento de percentuais como meta de conservação de ecossistemas não permitiria, ao contrário de dados de espécies, a definição dos melhores locais para o estabelecimento de áreas protegidas.

Por outro lado, quando se analisa com maior detalhe a precisão dos dados de ocorrência de espécies, conforme é sugerido por Pressey (2004), nota-se que os mesmos são bastante tendenciosos em função da grande associação com as formas e acesso aos locais de pesquisa (redes de drenagem, estradas, estações em campo, etc.). Como forma de contornar tais problemas com os dados de espécies, vários estudos têm proposto o uso de substitutos ou duplês da biodiversidade, embora em algumas situações haja uma relação variável entre os substitutos e os dados de espécies (Lombard *et al.*, 2003). No caso do presente estudo, os dados de ocorrência de espécies de interesse imediato para a conservação (espécies ameaçadas e de distribuição restrita) encontram-se muito concentrados em determinadas regiões, em especial na porção oeste do CBMN. Para algumas espécies, como a ariranha (*Pteronura brasiliensis*) os dados de ocorrência resumem-se a observações ao longo dos rios da região. Nessa situação, a identificação das áreas de alta insubstituibilidade sempre tenderá a recair sobre os poucos locais caso somente sejam utilizados os registros das espécies. No CBMN foram identificadas 42 unidades de planejamento com grande insubstituibilidade (frequência de seleção acima de 0,77, conforme critério definido para o estudo). Entretanto, apenas 20 dessas unidades atendem as metas definidas para as espécies e as demais 22 unidades atendem as metas estabelecidas para objetos de conservação como os tipos de vegetação, nascentes, áreas de alta produtividade primária e brejos permanentes. Esse resultado é concordante com a sugestão de Lombard e colaboradores (Lombard *et al.*, 2003), que indicam o uso simultâneo de objetos complementares (espécies e ecossistemas) em esquemas de definição de sistemas representativos para a proteção da biodiversidade regional. Outros autores, contudo, sugerem que o uso de duplês de biodiversidade (mapas que expressem uma diversidade ambiental) apresenta pouca relação com os dados de espécies (Araújo *et al.*, 2001). Os autores

concluíram que mapas representativos da diversidade ambiental são fracos preditivos da biodiversidade, ou seja, as áreas com maiores concentração de espécies dos grupos utilizados (vertebrados terrestres e plantas superiores). Contudo, outros autores questionam os resultados e reafirmam como válida tal estratégia (Faith, 2003).

Se há controvérsia no uso de mapas representativos dos ecossistemas ou tipos de vegetação, o uso de mapas representativos de processos ecológicos pode ser ainda mais incerta. Parte da situação reside-se no fato de que ainda não foram amplamente testadas as relações entre determinadas informações espaciais e a biodiversidade. Alguns estudos têm demonstrado que áreas com grande produtividade primária, que podem ser bastante importantes para processos como o sequestro de carbono, também são as mesmas onde é observada uma maior concentração de espécie. Em regiões como a África, van Rensburg e colaboradores (van Rensburg *et al.*, 2002) encontraram uma relação positiva e altamente significativa entre áreas com maior concentração de espécies de aves e as áreas com maiores valores de produtividade primária. Tais áreas representam locais onde a atividade fotossintética é mais elevada e, conseqüentemente, onde também há uma maior produção de biomassa, que é um tema central na discussão sobre sequestro de carbono e mudanças climáticas (Field *et al.*, 1995). No caso do CBMN, as áreas mapeadas como sendo de grande produtividade primária estão localizadas nas porções mais baixas do corredor, na parte oeste. Tais áreas são aquelas que recebem os nutrientes, sedimentos e todo o material carreado das porções mais altas da região pela rede de drenagem. Considerando a grande dinâmica hídrica da região, onde os pulsos de inundação são altamente sazonais, não é de se estranhar que as regiões mais produtivas sejam aquelas localizadas nas porções mais baixas. Desta forma, a manutenção da dinâmica hídrica dos ecossistemas locais deve ser observada em esquemas de seleção de reservas.

O estabelecimento de uma rede de áreas protegidas deve considerar tanto as áreas mínimas a serem mantidas em função de sua relevância para a proteção de padrões de ocorrência quanto áreas intermediárias necessárias para a formação da rede pretendida. Embora diversos métodos possam ser utilizados para a formação de tal rede (Lomolino *et al.*, 2003; Wikramanayake *et al.*, 2004; van Teeffelen *et al.*, 2006), utilizamos simplesmente a rede de drenagem para a formação de tal rede, pois o principal objetivo do estudo foi avaliar a criação de uma rede que pudesse manter os processos hidrológicos do corredor. Há uma grande lacuna de dados sobre a

dinâmica hídrica da região (vazão dos rios, velocidade de escoamento em cheias, consumo humano, qualidade da água, contaminação por produtos químicos oriundos da agricultura nas partes altas, sedimentação, entre outros) que impossibilita a seleção mais rigorosa de áreas importantes para a manutenção de tais processos. Contudo, a abordagem utilizada sugere que os processos ecológicos ou hidrológicos podem ser considerados em sistemas regionais de áreas protegidas desde que os mesmos possam ser mapeados.

AGRADECIMENTOS

O desenvolvimento desse estudo foi possível graças ao apoio da Fundação Gordon e Betty Moore e da Agência dos Estados Unidos para o Desenvolvimento Internacional – USAID. Os mapas foram produzidos com o programa ArcGIS 9.0, gentilmente cedido pela ESRI para a Conservação Internacional.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aleixo, A. 2009. Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação. *Megadiversidade* 5(1): 87-95.
- ANA (2006) Ottobacias - nível 6. Versão 07/12/2006. Superintendência de Gestão da Informação, Agência Nacional de Águas. Available at: <http://www.ana.gov.br/bibliotecavirtual/login.asp?urlRedir=/bibliotecavirtual/solicitacao-BaseDados.asp>. Accessed 2008 Nov 14.
- Araújo, M.B., C.J. Humphries, P.J. Densham, R. Lampinen, W.J. M. Hagemer, A.J. Mitchell-Jones & J.P. Gasc. 2001. Would environmental diversity be a good surrogate for species diversity? *Ecography* 24: 103-110.
- Ball, I.R. & H. Possingham. 2000. MARXAN (V1.8.2): Marine Reserve Design Using Spatially Explicit Annealing, a Manual. The Ecology Centre, University of Queensland, Brisbane, Australia.
- Balmford, A. 2003. Conservation planning in the real world: South Africa shows the way. *Trends in Ecology & Evolution* 18: 435-438.
- Brasil. 1965. Lei 4.771 de 15 de setembro de 1965 - institui o novo Código Florestal Brasileiro. Page 10 pp. Diário Oficial, Brasília - DF.
- Brooks, T.M., G.A.B. Fonseca & A.S.L. Rodrigues. 2004. Protected areas and species. *Conservation Biology* 18: 616-618.
- Cowling, R.M. & R.L. Pressey. 2003. Introduction to systematic conservation planning in the Cape Floristic Region. *Biological Conservation* 112: 1-13.
- Danielsen, F. & C.G. Treadaway. 2004. Priority conservation areas for butterflies (Lepidoptera: Rhopalocera) in the Philippine islands. *Animal Conservation* 7: 79-92.
- Eastman, J.R. 2006. IDRISI Andes - Guide to GIS and Image Processing. Page 284. Clark Labs - Clark University, Worcester, MA.

- Eken, G.V., L. Bennun, T.M. Brooks, W. Darwall, L.D.C. Fishpool, M. Foster, D. Knox, P. Langhammer, P. Matiku, E. Radford, P. Salaman, W. Sechrest, M.L. Smith, S. Spector & A. Tordoff. 2004. Key biodiversity areas as site conservation targets. *Bioscience* 54: 1110-1118.
- Faith, D.P. 2003. Environmental diversity (ED) as surrogate information for species-level biodiversity. *Ecography* 26: 374-379.
- Field, C.B., J.T. Randerson & C.M. Malmstrom. 1995. Global Net Primary Production: combining Ecology and Remote Sensing *Remote Sensing of Environment* 51: 74-88.
- Hamilton, S.K., S.J. Sippel & J.M. Melack. 1995. Inundations Patterns in the Pantanal wetland of South America determined from passive macrowave Remote Sensing. *Hidrologie* 137: 1-23.
- Hamilton, S.K., S.J. Sippel & J.M. Melack. 2002. Comparison of inundation patterns among major South American floodplains. *Journal of Geophysical Research* 107: 2-14.
- Higgins, J.V., M.T. Bryer, M.L. Khoury & T.W. Fitzhugh. 2005. A freshwater classification approach for biodiversity conservation planning. *Biological Conservation* 19: 432-445.
- IBGE. 1993. Mapa de vegetação do Brasil. Escala 1:5.000.000. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE, Rio de Janeiro, RJ.
- IBGE. 2003. Base cartográfica integrada digital do Brasil ao Milionésimo - versão 1.0 para ArcGis Desktop/ArcView. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE, Rio de Janeiro, RJ.
- Lombard, A.T., R.M. Cowling, R.L. Pressey & A.G. Rebelo. 2003. Effectiveness of land classes as surrogates for species in conservation planning for the Cape Floristic Region. *Biological Conservation* 112: 45-62.
- Lomolino, M.V., G.A. Smith & V. Vidal. 2003. Long-term persistence of prairie dog towns: insights for designing networks of prairie reserves. *Biological Conservation* 115: 111-120.
- MMA. 2000. A Convenção sobre Diversidade Biológica - CDB. *Biodiversidade* 1:32.
- Noss, R.F. 1996. Ecosystems as conservation targets. *Trends in Ecology & Evolution* 11: 351.
- Pressey, R.L. 2004. Conservation Planning and Biodiversity: Assembling the Best Data for the Job. *Conservation Biology* 18: 1677-1681.
- Pressey, R.L., R.M. Cowling & M. Rouget. 2003. Formulating conservation targets for biodiversity pattern and process in the Cape Floristic Region, South Africa. *Biological Conservation* 112: 99-127.
- Pressey, R.L., T.C. Hager, K.M. Ryan, J. Schwarz, S. Wall, S. Ferrier & P.M. Creaser. 2000. Using abiotic data for conservation assessments over extensive regions: quantitative methods applied across New South Wales, Australia. *Biological Conservation* 96: 55-82.
- Pressey, R.L., C.J. Humphries, C.R. Margules, R.I. Vane-Wright & P.H. Williams. 1993. Beyond opportunism - key principles for systematic reserve selection. *Trends in Ecology & Evolution* 8: 124-128.
- Rempel, R. 2006. Patch Analyst 3.0. Centre for Northern Forest Ecosystem Research, Lakehead University Campus, Ontario, CA.
- Reyers, B., D.H.K. Fairbanks, A.S. Van Jaarsveld & M. Thompson. 2001. Priority areas for the conservation of South African vegetation: a coarse-filter approach. *Diversity and Distributions* 7: 79-95.
- Reyers, B., D.H.K. Fairbanks, K.J. Wessels & A.S. Van Jaarsveld. 2002. A multicriteria approach to reserve selection: addressing long-term biodiversity maintenance. *Biodiversity and Conservation* 11: 769-793.
- Rodrigues, A.S.L., H.R. Akçakaya, S.J. Andelman, M.I. Bakarr, L. Boitani, T.M. Brooks, J.S. Chanson, L.D.C. Fishpool, G.A.B. Fonseca, K.J. Gaston, M. Hoffmann, P.A. Marquet, J.D. Pilgrim, R.L. Pressey, J. Schipper, W. Sechrest, S.N. Stuart, L.G. Underhill, R.W. Waller, M.E.J. Watts & X. Yan. 2004. Global gap analysis - priority regions for expanding the global protected area network. *Bioscience* 54: 1.092-1.100.
- Rouget, M., R.M. Cowling, R.L. Pressey & D.M. Richardson. 2003. Identifying spatial components of ecological and evolutionary processes for regional conservation planning in the Cape Floristic Region, South Africa. *Diversity and Distributions* 9: 191-210.
- Sanderson, J., K. Alger, G.A.B. Fonseca, C. Galindo-Leal, V.H. Inchausti & K. Morrison. 2003. Biodiversity conservation corridors: planning, implementing, and monitoring sustainable landscapes. Conservation International, Washington, DC.
- Smith, R. J. 2004. Conservation Land-Use Zoning (CLUZ) software <<http://www.mosaic-conservation.org/cluz>>. Durrell Institute of Conservation and Ecology, Canterbury, UK.
- StatSoft, I. 2003. STATISTICA (data analysis software system) - Version 6 -www.statsoft.com.
- UNEP-CDB. 2004. Programme of Work on Protected Areas - 7th Conference of Parties - Decision VII/28. Page 22. Convention on Biological Diversity, Kuala Lumpur, Indonesia.
- van Rensburg, B.J., S.L. Chown & K.J. Gaston. 2002. Species richness, environmental correlates, and spatial scale: a test using South African birds. *American Naturalist* 159: 566-577.
- van Teeffelen, A., M. Cabeza & A. Moilanen. 2006. Connectivity, probabilities and persistence: comparing reserve selection strategies. *Biodiversity and Conservation* 15: 899-919.
- Wikramanayake, E., M. Mcknight, E. Dinerstein, A. Joshi, B. Gurung & D. Smith. 2004. Designing a conservation landscape for tigers in human-dominated environments. *Conservation Biology* 18: 839-844.

Como determinar a distribuição potencial de espécies sob uma abordagem conservacionista?

PAULO DE MARCO JÚNIOR¹ *
MARINEZ FERREIRA DE SIQUEIRA²

¹ Laboratório de Ecologia Teórica e Síntese, Departamento de Biologia Geral, ICB, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

² CRIA, São Paulo, Brasil.

* e-mail: pdemarco@icb.ufg.br

RESUMO

Os modelos de distribuição potencial são ferramentas importantes para determinar a distribuição de espécies ameaçadas com fins conservacionistas e para avaliar abordagens teóricas sobre processos biogeográficos. Esses modelos estão baseados na distribuição dos pontos de ocorrência da espécie no sub-espaco de condições de seu nicho ecológico e produzem funções para prever em que locais no espaço geográfico é provável sua ocorrência. Apresentamos aqui conceitos e técnicas necessários ao emprego adequado desses modelos através de uma revisão da literatura sobre as principais questões atuais nessa área de pesquisa, além de uma comparação entre algumas técnicas de uso corrente (GARP, Maxent, SVM e BIOCLIM) utilizando dados sobre *Caryocar brasiliense* (Pequi). Problemas como a qualidade, a quantidade, os vícios amostrais, a escolha do tipo de informação ambiental, a escolha da estratégia de modelagem e a escolha da técnica para avaliar os resultados do modelo são avaliados. Alguns métodos foram originalmente desenvolvidos para dados de presença/ausência, enquanto que para a maioria dos problemas reais, apenas dados de presença são disponíveis. Com um pequeno número de amostras, como o de estudos de espécies ameaçadas, modelos mais simples são desejáveis (e.g. Similaridade e BIOCLIM). A possibilidade de testes externos (independentes) através da partição dos dados originais é um avanço importante para avaliar a qualidade do modelo final, mas técnicas baseadas em procedimento “jackknife” são adequadas para espécies raras. A análise da sensibilidade e especificidade dos modelos, com técnicas derivadas do ROC, ainda permitem a identificação de um valor limite para a determinação da amplitude de distribuição das espécies. O uso de todos esses procedimentos deve ser considerado, não só para garantir a utilidade desses modelos em uma abordagem conservacionista, mas também para uma melhor comparação dos resultados garantindo a robustez das conclusões atingidas.

ABSTRACT

Potential distribution models are important tools to determine the distribution of threatened species for conservationist purposes and to evaluate theoretical approaches about biogeographic processes.

These models are based on the distribution of species occurrence points in the environmental conditions sub-space of their ecological niche and build functions to predict in which sites its occurrence are expected. We present here the concepts and techniques need to the adequate use of these models through a literature review about the main in this research area, besides a comparison among some of these methods (GARP, Maxent, SVM and BIOCLIM) using data from Caryocar brasiliense (Pequi). Problems related to data quality, quantity, sampling biases, choice of environmental information, modelling strategy and the technique to evaluate model results are presented. Some methods are originally developed to presence/absence data, while to the majority of real problems, only presence data are available. Under the restriction of a small number of samples, as in threatened species study, simpler models are desirable (e.g. environmental similarity and BIOCLIM). The possibility to external tests (independent) through the partition of original data bases are an important advance to evaluate the quality of the final model, but methods based on the jackknife procedure are more adequate to rare species. The analysis of sensitivity and specificity of the models, derived from ROC methodology, allow the identification of a threshold limit to the determination of species range distribution. The use of all these procedures should be considered, not only to guarantee the usefulness of these models in a conservationist approach, but to better comparison of the results to guarantee the robustness of attained conclusions.

INTRODUÇÃO

A modelagem de distribuição potencial (MDP) se tornou um procedimento comum para determinar a amplitude da distribuição geográfica das espécies. Uma lista de aplicações atuais para esses métodos não vai ser completa, principalmente porque seu uso está ainda em crescimento, com inovações que permitem novas abordagens. Apesar disso, a Tabela 1 apresenta um resumo de alguns dos usos mais importantes que podem ser encontrados na literatura. É possível perceber que o MDP é útil em uma variedade de áreas, mas que há um domínio nas atividades ligadas à biologia da conservação, que será o foco principal dessa contribuição.

Há duas razões principais do aumento do uso de MDP nos últimos anos. O primeiro é o aumento da disponibilidade de métodos estatísticos poderosos e técnicas computacionais que podem ser aplicados mesmo com apenas dados da presença da espécie, recolhidos de informações de museus/herbários e levantamentos de fauna e flora (Guisan & Thuiller, 2005; Guisan *et al.*, 2006). A segunda razão é a disponibilidade de dados ambientais em diferentes níveis de resolução e para uma vasta área de território, que permite produzir previsões para, virtualmente, qualquer área terrestre do globo.

Nesse trabalho apresentamos uma base teórica geral de como essas técnicas podem funcionar e os principais problemas que têm sido levantados em seu uso, com a esperança de que a sua difusão em problemas de conservação de espécies seja acompanhada pela avaliação

críteriosa de seus resultados. Também apresentamos um exercício para a modelagem de Pequi (*Caryocar brasiliense* Cambess.) utilizando algumas das técnicas de uso corrente para exemplificar a execução desse tipo de abordagem.

O NICHU ECOLÓGICO COMO MODELO TEÓRICO

Na maior parte das aplicações de MDP se considera que o nicho ecológico é o modelo básico que sustenta a possibilidade de produzir previsões sobre a ocorrência de espécies (Peterson, 2001; Thuiller *et al.*, 2005; Elith *et al.*, 2006; Stockwell, 2006). O argumento é simples e bem fundamentado: o nicho ecológico é definido como o conjunto de condições e recursos nos quais os indivíduos de uma espécie são capazes de sobreviver, crescer e reproduzir. Logo, o conhecimento dessas condições e recursos deve servir para prever os locais de ocorrência da espécie. Apesar disso, muita confusão sobre o uso desse conceito para a modelagem foi resultado de equívocos sobre conceitos acessórios como o de nicho realizado.

Em geral, os MDP podem ser considerados como o ajuste a uma função entre os pontos de ocorrência de uma espécie e um conjunto multivariado de dados ambientais (Phillips *et al.*, 2006). Como em geral só estão disponíveis dados de presença (ver mais à frente sobre dados de ocorrência) essas funções devem representar as características ambientais nos pontos de ocorrência ou o “nicho” da espécie.

TABELA 1 – Alguns exemplos de aplicações dos modelos de distribuição potencial de espécies (MDP) retirados da literatura recente.

ÁREA	MÉTODO*	EXEMPLOS
Predição de distribuição de espécies raras ou ameaçadas de extinção	Maxent, GARP	Engler <i>et al.</i> , 2004; Guisan <i>et al.</i> , 2006; Pearson <i>et al.</i> 2007
Guiar levantamentos para detectar espécies novas ou raras e novos padrões de distribuição	GARP, Distância Euclidiana	Raxworthy <i>et al.</i> , 2003
Escolha de espécies para recuperação de áreas degradadas	GARP	Siqueira, 2005
Escolha de áreas prioritárias para conservação	GARP, ENFA, GLM	Araujo <i>et al.</i> , 2004; Martinez <i>et al.</i> , 2006
Determinação de áreas com maior risco de invasão por espécies exóticas	GARP, BIOCLIM, Maxent	Broennimann <i>et al.</i> , 2007; Herborg <i>et al.</i> , 2007; Loo <i>et al.</i> , 2007; Peterson, 2003; Rouget <i>et al.</i> , 2001; Sutherst & Maywald, 2005
Análise do efeito das mudanças climáticas globais sobre a biodiversidade	GARP, BIOCLIM, GLM	Heikkinen <i>et al.</i> , 2006; Hijmans & Graham, 2006; Parra-Olea <i>et al.</i> , 2005; Roura-Pascual <i>et al.</i> , 2004; Thuiller <i>et al.</i> , 2005
Predição de áreas ideais para plantio	GARP, Maxent, BIOCLIM, DOMAIN	Villordon <i>et al.</i> , 2006

A abordagem mais coerente sobre a relação entre MDP e nicho foi apresentada por Soberón (2007) que separa esse conceito da mesma forma que Hutchinson (1957; 1981) o fez em seu trabalho clássico: o sub-espaco de condições (ou *cenopoético*) e o sub-espaco de recursos. Os dados ambientais disponíveis devem apenas representar o sub-espaco de condições e não o nicho completo da espécie. Além disso, é bastante provável que os pontos de ocorrência tomados representem áreas em que as condições são favoráveis, mas podem existir outras áreas com condições semelhantes, mas que a presença da espécie é impedida por interações interespecíficas. Hutchinson identificou esse conceito como nicho *pós-interativo* ou *realizado* e é ele a base correta para a modelagem com os dados disponíveis. Soberón (2007) reforça esse argumento distinguindo entre nicho Grinnelliano (que apenas leva em consideração as condições do ambiente) e nicho Eltoniano (que leva em conta as interações entre espécies). Incluir interações ecológicas dentro dos MDP é área de intensa pesquisa que tem sido desenvolvida principalmente na predição de ocorrência de uma espécie em relação à outra fortemente relacionada (e.g. herbívoros e suas plantas hospedeiras).

A necessidade de embasar as estratégias de MDP na teoria do nicho facilita a interpretação e discussão dos

resultados desses modelos dentro de um contexto conservacionista. Um exemplo importante é o argumento recentemente apresentado de que espécies exóticas podem ter uma mudança de nicho nas novas áreas invadidas fora de sua distribuição original (Broennimann *et al.* 2007). Esse resultado pode representar que nossa habilidade de prever a invasão inicial de uma espécie pode ainda ser válida, mas que esses modelos dificilmente servirão para prever a expansão subsequente de uma espécie em uma nova área. Os modelos gerados para o nicho original seriam uma sub-estimativa da área real de ocupação. Por outro lado, esse resultado pode ainda representar o efeito da liberação competitiva ou outros mecanismos semelhantes agindo nas novas populações e, talvez, estarem mais próximo do nicho real da espécie, sem as limitações impostas pelas interações em seu habitat original.

“IN DATA WE TRUST”

A frase que encabeça essa seção evidencia a necessária preocupação com os dados quando se trabalha com modelagem e a MDP é particularmente sensível à qualidade e ao tipo de dado disponível. A Tabela 2 resume alguns dos problemas mais comuns encontrados nessa área.

TABELA 2 – Principais problemas encontrados nos dados utilizados em modelos de distribuição potencial de espécie (MDP).

PROBLEMA	EXPLICAÇÃO	RISCO
Precisão nos dados de ocorrência	Muitas informações da literatura apresentam apenas o município coletado e o georeferenciamento é feito pela sede do município.	Em municípios muitos extensos (e.g. na Amazônia) esses erros podem representar uma enorme diferença de características ambientais.
Vício dos dados de ocorrência	Os coletores tendem a se distribuir ao redor de grandes cidades ou estradas.	Os vícios devem gerar um modelo mais restrito que a distribuição real da espécie.
Erros de identificação	Dados de museus e herbários podem conter erros de identificação.	Descrição incorreta da relação com os fatores ambientais.
Resolução dos dados ambientais	Dados ambientais em uma resolução muito pequena podem gerar um alisamento da variação ambiental real.	Descrição pobre ou incorreta da relação com os fatores ambientais.
Dados ambientais não relacionados à espécie	As espécies podem ser limitadas em sua distribuição por variáveis não disponíveis para modelagem.	Descrição pobre da relação com os fatores ambientais.

A qualidade e a quantidade dos dados de distribuição afeta fortemente os resultados do MDP (Suarez-Seoane *et al.*, 2002; Luoto *et al.*, 2005), assim como a resolução e escolha das variáveis ambientais (Robertson *et al.*, 2003; Elith *et al.*, 2006; Austin, 2007). Todos os estudos demonstram um aumento da acurácia dos modelos com o aumento do número de pontos de ocorrência disponível (Stockwell & Peterson, 2002; Hernandez *et al.*, 2006; Pearson *et al.*, 2007). Essas escolhas possivelmente afetam mais o resultado dos modelos do que o efeito da seleção de um tipo de abordagem de modelagem. A geografia da espécie (amplitude de variação, padrão de autocorrelação espacial) pode também afetar a eficiência do MDP e se espera que espécies de distribuição mais ampla sejam mais suscetíveis a vícios nos dados ambientais gerados por amostragem deficiente (Luoto *et al.*, 2005; Segurado *et al.*, 2006).

Em uma comparação com nove técnicas muito usadas em MDP, Pearson *et al.* (2006) mostraram que o tipo de modelo classificado em relação à entrada de dados de ocorrência (só presença vs. presença/ausência) e os pressupostos na hora de extrapolar a distribuição foram os critérios mais importantes para explicar as diferenças nas predições dos modelos. Em especial, os modelos que usam só dados de presença tenderam a apresentar com maior frequência perda de área total de distribuição predita para 2030.

Um dos problemas importantes associados à relação entre qualidade de dados ambientais e modelagem está em que, normalmente, os pesquisadores estão produzindo predição não para uma espécie isolada, mas para um conjunto de espécies, selecionados de acordo com os critérios da pesquisa particular que está sendo desenvolvida. Alguns estudos mostram que a inclusão de muitas

variáveis em modelos do tipo BIOCLIM leva sistematicamente a uma diminuição do tamanho da área de distribuição predita (Beaumont *et al.*, 2005). Em uma situação como essa, e baseado na lógica de nicho ecológico que deveria embasar a MDP, a sugestão lógica seria escolher um conjunto de variáveis que deveria afetar diretamente a espécie sob estudo. Esse conjunto mínimo deveria ser escolhido baseado nos conhecimentos sobre fisiologia e ecologia geral da espécie que está sendo avaliada. No entanto, ao modelar um conjunto grande de espécies, as particularidades de cada uma serão necessariamente esquecidas, mesmo que seja devido à necessidade de manter um certo nível de comparabilidade no estudo. A generalidade da proposta provavelmente gera uma escolha de variáveis ambientais para a modelagem que, ao representar uma espécie “média”, falha em descrever o nicho da maioria das espécies.

Em problemas de conservação de espécies espera-se que o número de pontos de ocorrência disponíveis deva ser considerado o principal limitante para MDP. As técnicas disponíveis têm sido substancialmente melhoradas para tratar esse problema, principalmente no que se refere aos métodos para avaliar os modelos gerados. Um argumento estatisticamente simples é que quanto menos dados estiverem disponíveis, menos parâmetros podem ser ajustados nos modelos. A consequência disso é que modelos mais simples (como os métodos de distâncias e envelopes bioclimáticos) devem ser considerados mais adequados. Mesmo assim, Pearson *et al.* (2007) demonstrou uma alta eficiência preditiva do Maxent com números de pontos de ocorrência entre 5 e 15, o que é compatível com muitos problemas de predição de espécies raras ou ameaçadas de extinção atuais.

AS DIFERENTES ABORDAGENS DE MODELAGEM

Há uma variedade de formas de modelagem aplicadas ao problema de prever a distribuição de uma espécie. Uma primeira classificação apropriada seria distinguir modelos que foram originalmente delineados para dados de presença/ausência daqueles que foram construídos apenas para dados de presença. A maior parte dos modelos baseados em presença/ausência são derivados de técnicas estatísticas clássicas e bem conhecidas. Bons exemplos desse tipo de abordagem é o uso da regressão logística (Pearce & Ferrier, 2000; Stephenson *et al.*, 2006), modelos lineares gerais (“General Linear Models” – GLM) (Guisan *et al.*, 2002; Thuiller, 2003; Brotons *et al.*, 2004) e de sua extensão mais complexa os modelos aditivos generalizados (Generalized additive models – GAM) (Guisan *et al.* 2002; Lehmann *et al.* 2002; Leathwick *et al.* 2006). Excetuando GAM, esses modelos se baseiam na existência de uma função simples para a relação entre a presença/ausência da espécie e um conjunto de variáveis ambientais. Essas estratégias podem produzir modelos realistas e simples para essa função de alta interpretabilidade na compreensão de processos naturais. Um bom exemplo seria o uso de regressão logística com dados ambientais e incluindo termos quadráticos (que geram uma resposta semelhante à curva de Gauss para a probabilidade de presença dependendo dos parâmetros ajustados).

Os modelos GAM, por outro lado, mantém a estrutura estatística dos modelos generalizados, mas inclui uma modelagem baseada em funções *spline* de ordens maiores. Essa estratégia gera modelos que perdem muito em interpretabilidade, mas garante maior ajuste aos dados.

Todos esses modelos, originalmente baseados em presença e ausência real, podem ser utilizados com dados reais de presença e dados de ausência simulados, ou como são usualmente referidos na literatura, pseudo-ausência. O uso de pseudo-ausência necessariamente inclui uma taxa de erro no modelo, diretamente relacionado com o tamanho da área no espaço “ecológico” definido pelas variáveis ambientais estudadas nos quais a espécie ocorre, mas que não apareceu nos dados de ocorrência. O uso de pseudo-ausências nos modelos acima poderá incluir essas áreas como “falsos zeros”. Novamente, a intensidade dos vícios de amostragem nos dados de ocorrência limita diretamente o sucesso desse tipo de abordagem (Jimenez-Valverde & Lobo, 2006).

Dos modelos que foram inicialmente concebidos para dados apenas de presença, a melhor forma de classificá-los é em relação ao grau de complexidade nos processos

que envolvem. Os métodos de distâncias (ou modelos de similaridade ambiental) são as representações mais simples da lógica de nicho ecológico, por estarem baseados na existência de um ponto de ótimo ecológico para cada espécie definido pelo centróide dos pontos de ocorrência no espaço ecológico. A distância entre esse ótimo estimado e os valores observados para cada célula da grade ambiental para a área geográfica estudada é inversamente relacionada à adequabilidade do ambiente naquele local. A distância euclidiana gera um envelope circular ao redor do ótimo no espaço ecológico e a distância de Mahalanobis um envelope elipsoidal (Farber & Kadmon, 2003). A distância de Mahalanobis inclui uma maior complexidade porque leva em conta a matriz de covariância entre as variáveis ambientais nos pontos de ocorrência. Isso permite interpretar o modelo como uma expressão das restrições ambientais que a espécie sofre incluindo as correlações entre variáveis, mas exige que o número de pontos seja maior que o número de variáveis ambientais (o que pode ser um problema para espécies raras).

O próximo conjunto de métodos são os envelopes bioclimáticos sob as técnicas BIOCLIM e DOMAIN (Hirzel & Arlettaz, 2003; Beaumont *et al.*, 2005; Luoto *et al.*, 2005; Heikkinen *et al.*, 2006). Nesses casos os envelopes gerados são retilineares baseados em determinar para cada variável um limite superior e inferior para a ocorrência da espécie (ver critérios para os limites mais à frente) e produzir uma predição final que assume que não existe correlação entre as variáveis nos pontos de ocorrência.

Uma extensão lógica dos dois conjuntos de métodos apresentados seria o uso de técnicas de análise multivariada para a predição da distribuição das espécies. Métodos baseados na análise de componentes principais como o ENFA (Hutchinson & Rosenzweig, 2003; Brotons *et al.*, 2004; Hargrove & Hoffman, 2004; Martinez *et al.*, 2006) têm a vantagem de produzir envelopes mais interpretáveis e de representarem uma forma automática de estabelecer que variáveis são mais importantes na determinação da distribuição. Tanto na utilização de técnicas multivariadas quanto no uso da distância Euclidiana a escala de medida das variáveis vai afetar fortemente os resultados: as variáveis que variarem mais serão necessariamente aquelas que dominarão as análises. Assim, se incluirmos altitude (variando de 200 a 1.000m) e temperatura (variando de 15 a 25°), a altitude dominará totalmente os modelos. Para evitar isso, devem ser utilizadas técnicas já há muito estabelecidas nos estudos com análises multivariadas (Noy-Meir *et al.*, 1975; Stoddard, 1979) através da padronização

das variáveis (subtrair a média e dividir pelo desvio padrão), que faz com que cada variável entre em “pé de igualdade” no modelo.

O Maxent (Maximum Entropy) inicia a lista dos modelos mais complexos: essa é uma técnica de aprendizagem automática (*machine-learning*) que estima a distribuição de probabilidades mais próxima à distribuição uniforme sob a restrição de que os valores esperados para cada variável ambiental estejam de acordo com os valores empíricos observados nos pontos de ocorrência. Phillips *et al.* (2006) lista onze vantagens dessa técnica e as mais importantes são: i) ela necessita apenas de dados de presença; ii) a variável gerada é contínua dentro do intervalo 0 a 100 indicando adequabilidade relativa; iii) ela tem uma definição matemática concisa e é facilmente interpretável dentro dos conceitos clássicos de análise de probabilidades.

O processo de modelagem no Maxent envolve alguns critérios de otimização, podendo gerar um sobre-ajuste (*overfitting*) quando o número de dados é menor que o número de parâmetros ajustados. Uma constante β é usada como parâmetro de regularização e pode depender da variabilidade observada (Dudik *et al.*, 2004), mas há ainda alguma controvérsia sobre como escolher parâmetros apropriados em um conjunto de muitas espécies.

Algumas técnicas multivariadas exploratórias, originalmente desenvolvidas para *data-mining* têm se tornado popular na MDP. Dentre essas se destaca o uso de regressão multivariadas por *splines* (Leathwick *et al.*, 2005, 2006; Elith & Leathwick, 2007) que apresenta algumas características semelhantes a GAM e as Árvores de regressão ou classificação (*Classification and regression trees* – CART) (Thuiller, 2003; Gavin & Hu, 2005). Nesses casos, a lógica de nicho é praticamente abandonada em favor da busca do melhor modelo que se ajuste ao conjunto de dados, e de certa forma, sacrifica a interpretabilidade ecológica em favor da qualidade do ajuste.

Por fim, as redes neurais (Thuiller, 2003; Joy & Death, 2004), algoritmos genéticos gerais (Pearson *et al.*, 2006; Tormanssen *et al.*, 2006) e o GARP (“genetic algorithm for rule-set production”) compartilham muito da estrutura teórica comum aos métodos de aprendizagem automática, mas o GARP é sem dúvida o mais utilizado desses modelos (Peterjohn, 2001; Anderson *et al.*, 2002; Anderson, 2003; Ganeshiah *et al.*, 2003; Peterson & Kluza, 2003; Elith *et al.*, 2006; Stockman *et al.*, 2006; Villordon *et al.*, 2006; Pearson *et al.*, 2007, apenas para citar alguns dos mais importantes). O GARP representa uma técnica híbrida que inclui técnicas estatísticas (regressão logística) e envelopes bioclimáticos dentro de uma estratégia de aprendizado automático.

O GARP não é uma técnica de modelagem para dados de presença porque o ajuste é feito através da geração de um conjunto de pseudo-ausências, mas apresenta técnicas mais sofisticadas para tratar esse problema.

O algoritmo GARP define o modelo de nicho ecológico das espécies através de um conjunto de regras que é considerada como um “indivíduo”, e o conjunto de regras são considerados uma “população”, segundo a terminologia definida para os algoritmos genéticos. Internamente, as regras são codificadas através das faixas de valores ou coeficientes relativos às variáveis ambientais e também ao valor da previsão da regra. Os coeficientes das variáveis ambientais correspondem aos “genes” que compõem os “cromossomos”. A previsão das regras também é codificada como um gene, podendo sofrer alterações durante a execução do algoritmo. A qualidade de cada regra presente no modelo é avaliada por uma função de adaptação, que é calculada através da significância estatística obtida pela aplicação da regra ao conjunto de pontos de treinamento fornecidos ao algoritmo. Durante a execução do algoritmo as regras são modificadas aleatoriamente por operadores heurísticos de recombinação e mutação. Esses operadores criam novas regras, que quando aplicadas aos pontos de treinamento, obtêm um valor diferente na função de adaptação, devido à mudança realizada em um de seus genes. Após a criação de novos cromossomos e inclusão destes na população existente, é executada uma operação de seleção natural. Nesta operação aqueles cromossomos que têm valor da função de adaptação abaixo de um certo limiar pré-definido são eliminados da população. Quando um número predeterminado de iterações é atingido, o algoritmo é encerrado e o resultado é apresentado como um conjunto de regras a partir dos indivíduos sobreviventes. Este modelo é aplicado de volta ao espaço geográfico, indicando as regiões onde a espécie está provavelmente presente ou ausente Pereira & Siqueira (no prelo).

Outro algoritmo que começa a ser usado em MDP é o SVM (*Support Vector Machine* – Máquina de Vetores de Suporte), que se caracteriza por ser um conjunto de métodos de aprendizagem supervisionado relacionados que pertencem à família dos classificadores lineares generalizados. As SVMs foram introduzidas recentemente como uma técnica para resolver problemas de reconhecimento de padrões. Esta estratégia de aprendizagem, introduzida por Vapnik (1995) é um método muito poderoso que em poucos anos desde sua introdução tem superado a maioria dos sistemas em uma ampla variedade de aplicações (Cristianini & Shawe-Taylor, 2000). De acordo com a teoria de SVMs,

enquanto técnicas tradicionais para reconhecimento de padrões são baseadas na minimização do *risco empírico*, isto é, tenta otimizar o desempenho sobre o conjunto de treinamento, as SVMs minimizam o *risco estrutural*, isto é, a probabilidade de classificar de forma errada padrões ainda não vistos pela distribuição de probabilidade dos dados. O objetivo dessa classificação é elaborar uma forma computacionalmente eficiente de aprender “bons” hiperplanos de separação em um espaço de características de alta dimensão. Por “bons” hiperplanos entendemos aqueles que otimizam os limites de generalização e por “computacionalmente eficiente” algoritmos capazes de tratar amostras de tamanho da ordem de 100.000 instâncias. A teoria da generalização dá uma orientação clara sobre como controlar a capacidade, e logo como prevenir modelos ruins, controlando as medidas das margens dos hiperplanos, enquanto a teoria da otimização fornece as técnicas matemáticas necessárias para encontrar hiperplanos otimizando essas medidas. Uma propriedade especial das SVMs é que eles simultaneamente minimizam erros de classificação empírica e maximizam a margem geométrica. Os modelos gerados pela SVM só dependem de um subconjunto de dados de treino, utilizando apenas os dados mais informativos para gerar o MDP. Esta característica torna esta técnica especialmente interessante para utilização em situações onde a confiabilidade dos dados de entrada (registros de ocorrência da espécie e/ou variáveis ambientais) é duvidosa ou incompleta, o que é especialmente comum em se tratando de levantamento de biodiversidade em regiões tropicais. É claro que, para qualquer técnica de modelagem, quanto menos ruído nos dados, melhor será o resultado. Mas é importante sabermos que esse tipo de ruído é sempre uma constante nesse tipo de dado, então, é importante escolher a técnica que seja mais adequada ao conjunto de dados disponível.

CRITÉRIOS DE ESCOLHA DE LIMITES E MÉTODOS DE AVALIAÇÃO

Esse é, sem dúvida, o tópico de mais pesquisa atual e, portanto, o mais controverso. Em todos os métodos apresentados é necessário um critério para estabelecer o limite para a distribuição da espécie. Se existem dados de presença/ausência é possível determinar a melhor escolha como uma combinação das informações da omissão do modelo e de sua sobre-previsão: o melhor limite é aquele que minimiza a omissão e sobre-previsão. Evidentemente, essas duas propriedades estão ligadas e quanto maior a omissão menor a sobre-previsão, e vice-versa.

No entanto, essa estratégia é limitada quando apenas dados de presença estão disponíveis. A solução mais simples é a implementada nos métodos de envelopes bioclimáticos (BIOCLIM). A escolha de limites baseados em estabelecer uma taxa de omissão fixa tem como consequência lógica um maior controle da sobre-previsão. Como não é possível nenhuma inferência acerca da sobre-previsão com dados apenas de presença, o controle da omissão é a estratégia adequada ao problema. Esse controle pode ser feito utilizando uma estimativa baseada em intervalos de confiança ou através de uma escolha apropriada de percentis cobertos pelo modelo como implementado no DIVA-GIS (Hijmans *et al.*, 2002; Ganeshaiah *et al.*, 2003). Essa estratégia pode ser utilizada em quase todas as técnicas, sendo especialmente adequada para os métodos de distâncias.

No entanto, a escolha de limites baseados na omissão pode ser pouco efetiva se estamos tratando de espécies ameaçadas com poucos registros de ocorrência. O uso dos dados mais extremos (como a maior distância) pode ser a estratégia mais adequada tanto devido às limitações estatísticas quanto pela proposta mais “conservadora”, apropriada à tomada de decisão sobre a conservação da espécie.

Uma técnica híbrida surge de produzir estimativas de omissão e sobre-previsão a partir de pseudo-ausências como desenvolvido no Maxent (Phillips *et al.*, 2006). Nesse caso, foi desenvolvida uma abordagem baseada na técnica ROC (*Receiver Operating Characteristics*) no qual a sensibilidade do modelo é definida pela proporção de presenças verdadeiras do total de presenças preditas e a especificidade pela proporção de ausências verdadeiras em relação às ausências preditas. Uma curva ROC é produzida plotando a sensibilidade contra o complemento da especificidade (1-especificidade) para diferentes valores de limites da variável Maxent. A área abaixo dessa curva é conhecida como AUC e serve como uma medida de avaliação modelo independente do limite escolhido (Manel *et al.*, 2001; Liu *et al.*, 2005). O valor de AUC igual a 0.5 significa que o modelo não tem uma eficácia melhor do que uma seleção aleatória. O procedimento ROC permite a escolha de um limite ótimo pela leitura do limite que maximiza a soma da especificidade e sensibilidade (Manel *et al.*, 2001) e foi considerado um dos cinco melhores métodos na determinação desses limites em MDP (Liu *et al.*, 2005). A única questão é que as estimativas de especificidade são produzidas com a adição de 10000 pseudo-ausências e, portanto, elas incluem um erro sistemático no modelo.

Pearson *et al.* (2007) critica os métodos derivados do AUC e outras estratégias a partir da base teórica dos modelos e dos limites que os dados de presença determinam na interpretação dos resultados. Os autores argumentam que apenas a omissão é informativa nesse tipo de modelo e que falsos-positivos não devem ser considerados na sua avaliação de modelos de distribuição potencial que são construídos apenas para revelar áreas que podem ser ocupadas. Dentro da proposta teórica que gera esses modelos, os falsos-positivos devem ser resultado de fatores não incluídos como contingência histórica, limitação da dispersão e interações ecológicas (Anderson, 2003; Soberón, 2007). Avançando nesse argumento, Pearson *et al.* (2007) desenvolve uma técnica semelhante ao jackknife para avaliação dos modelos que é especialmente útil para análise de espécies raras ou com poucos pontos de ocorrência. Nesse método, a modelagem é repetida cada vez excluindo um dos n pontos de ocorrência, gerando $n-1$ modelos independentes. O desempenho preditivo dos modelos pode ser então avaliado pela capacidade de prever a observação excluída em cada modelo. Essa técnica pode ser implementada em qualquer sistema de modelagem apresentada nesse trabalho.

No caso de espécies raras, o critério de escolha do limite para predição de sua ocorrência também tem um efeito muito grande nos resultados da modelagem. Sob o ponto de vista conservacionista, o peso da sobreprevisão da distribuição de uma espécie ameaçada, levando a diminuir sua estimativa de risco, é maior que o de omitir uma potencial presença sob os critérios da IUCN (IUCN, 2004; Akcakaya *et al.*, 2006). Nesses termos, o uso de critérios fixos como o do menor valor de adequabilidade de habitat no qual a espécie ocorreu, pode ser especialmente útil na modelagem de espécies ameaçadas de extinção. O trabalho de Pearson *et al.* (2007) suporta esse argumento, tendo encontrado que a melhor performance dos modelos foi obtida utilizando esse critério, quando avaliado pela técnica jackknife.

UM EXEMPLO: MODELANDO A DISTRIBUIÇÃO DE UMA ESPÉCIE TÍPICA DO CERRADO E DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

O problema

Atualmente existem vários algoritmos que podem ser aplicados em MDP. A comparação de modelos oriundos de diferentes algoritmos de modelagem pode ser um problema. Qual o melhor modelo? Que algoritmo melhor se aplica a uma determinada situação em modelagem?

Para facilitar a escolha dos melhores modelos é interessante que existam *softwares* que realizem um processo de experimentação, ou seja, que realizem experimentos com os mesmos dados de entrada, utilizando diferentes algoritmos, em um ambiente controlado. Uma apresentação sobre este tipo de *software* pode ser encontrada em Sutton *et al.* (2007) e uma discussão sobre o processo de experimentação em MDP pode ser encontrada em Santana *et al.* (no prelo). A título de ilustração, foram gerados modelos com os mesmos dados de entrada, mesmos pontos de ocorrência da espécie e mesmas variáveis ambientais, para quatro diferentes algoritmos de modelagem.

Dados de ocorrência e variáveis ambientais

Neste exemplo foram utilizados 50 registros de ocorrência de *Caryocar brasiliense* Cambess. (Caryocaraceae) dentro do Estado de São Paulo utilizados em Siqueira & Durigan (2007). Esta é uma espécie típica do Cerrado brasileiro, conhecida popularmente como pequi e que é intensamente utilizada para alimentação.

Foram utilizados dados climáticos (temperatura anual média e precipitação anual) oriundos do Worldclim <<http://www.worldclim.org/>> (Hijmans *et al.* 2005) e topográficos (elevação, aspecto e inclinação do terreno), oriundos do US Geological Surveys <<http://edc.usgs.gov/>> ambos com a mesma resolução, aproximadamente 1km.

Padrões de distribuição

Os resultados dos modelos são apresentados na figura 1. Os resultados mostram padrões que são semelhantes a muitas comparações recentes feitas entre modelos (Elith *et al.*, 2006; e.g. Pearson *et al.*, 2006). O Maxent tende a ser muito “limitado” aos dados produzindo um modelo de menor amplitude de distribuição. No entanto, é comum que seja um dos modelos que apresente maior valor de AUC, junto com o GARP (Elith *et al.*, 2006).

Mesmo assim, há uma grande similaridade geral na distribuição gerada, como pode ser observado pelo limite sul da distribuição quando se compara, por exemplo, o GARP e BIOCLIM. Esses resultados também sugerem que um caminho interessante para a análise desse tipo de modelo, uma abordagem de “integração” dos resultados dessas diferentes abordagens, como o proposto por Araújo & New (2006). Um exemplo deste tipo de integração, chamado modelo de consenso entre vários algoritmos, já é um procedimento automatizado no ambiente computacional openModeller (versão 1.0.6) <<http://openmodeller.sourceforge.net/>>.

CONCLUSÕES

A teoria do nicho provê mais do que uma metáfora para a MDP, fornecendo uma base teórica que deve ser considerada de forma mais formal na interpretação dos resultados desse tipo de análise. A interpretação das mudanças de padrão de distribuição de espécies invasoras e falsos-positivos na ocorrência de espécies precisam ser avaliadas dentro da lógica da teoria do nicho e o reconhecimento das limitações de modelagem baseada apenas no sub-espaco de condições.

A escolha das técnicas de modelagem para MDP é um passo importante e existe uma variedade de técnicas que podem ser classificadas em relação à sua complexidade. O principal critério de escolha, no entanto, deve

ser a qualidade e quantidade de dados de ocorrência da espécie a ser modelada: quanto menos dados mais simples deve ser o modelo utilizado.

A avaliação dos modelos é feita usualmente por técnicas baseadas no procedimento ROC, mas que vêm sendo criticadas. A utilização de técnicas mais simples e adequadas à limitação do uso apenas de dados de presença na MDP é desejável, principalmente as técnicas de avaliação por jackknife para espécies raras.

No geral, os diferentes modelos gerados como exemplo assemelham-se quanto à área prevista de distribuição potencial da espécie, mas os valores de AUC variaram bastante. No caso analisado, o melhor modelo foi o gerado pelo Maxent, apresentando o maior valor de AUC entre todos os algoritmos utilizados.

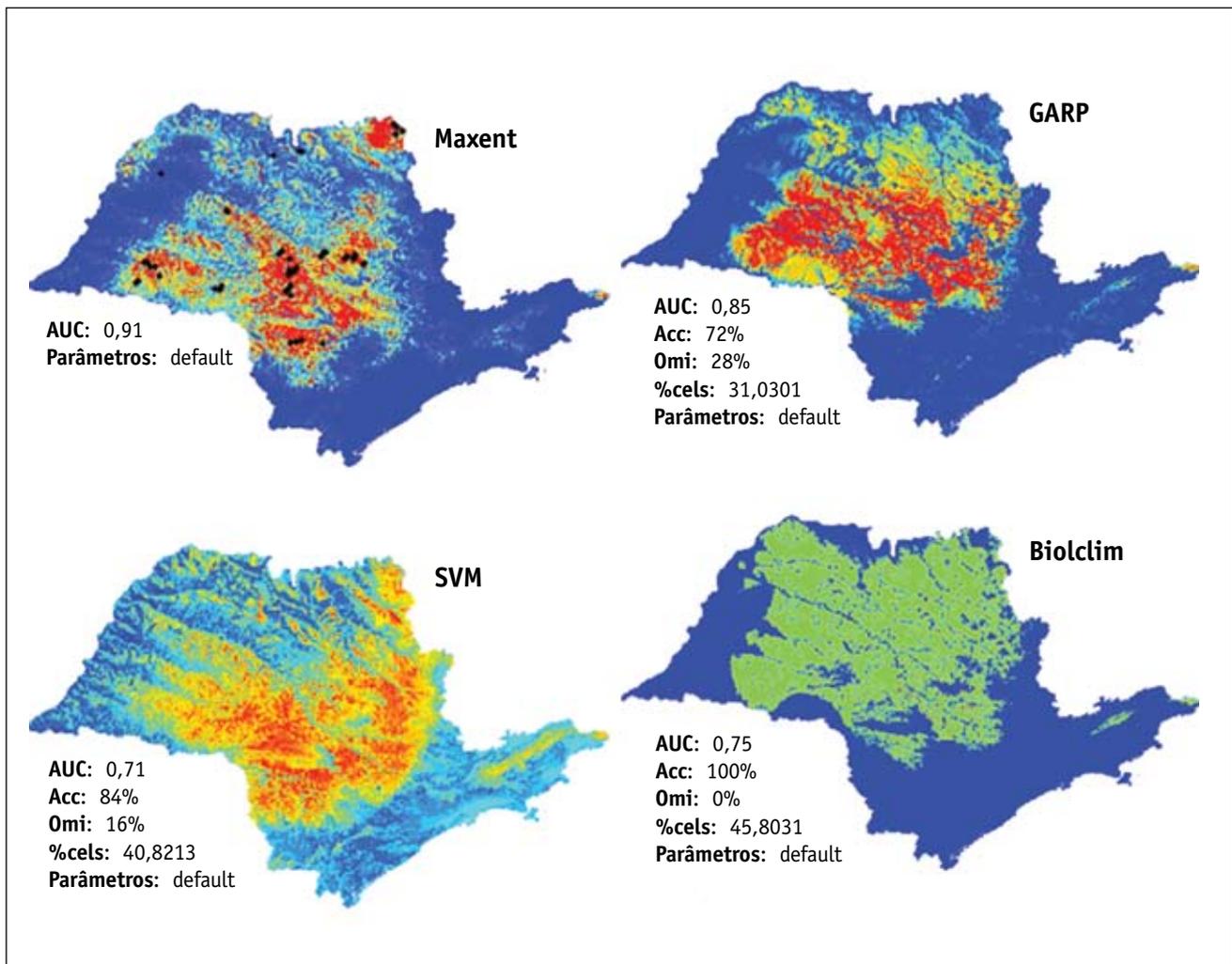


FIGURA 1 – Resultado de modelagens utilizando o mesmo conjunto de dados de entrada, modificando-se apenas os algoritmos de modelagem para gerar os MDP. AUC (“Area under curve”); Acc (acurácia); Omi (taxa de omissão) e %cels (porcentagem de células previstas como presente). Todos os modelos foram gerados com os parâmetros padrões (default) dos diferentes algoritmos. Os pontos pretos presentes no modelo gerado pelo Maxent representam os registros de ocorrência da espécie e que foram utilizados por todos os demais algoritmos.

AGRADECIMENTOS

Esse trabalho foi financiado pelo CNPq (bolsa de produtividade e financiamento direto a PDMJr), Projeto BioImpacto BBVA Espanha e Projeto openModeller – CRI – FAPESP (para MFS).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akçakaya, H.R., S.H.M. Butchart, G.M. Mace, S.N. Stuart & C. Hilton-Taylor. 2006. Use and misuse of the IUCN Red List Criteria in projecting climate change impacts on biodiversity. *Global Change Biology* 12: 2037-2043.
- Anderson, R.P. 2003. Real vs. artefactual absences in species distributions: tests for *Oryzomys albigularis* (Rodentia: Muridae) in Venezuela. *Journal of Biogeography* 30: 591-605.
- Anderson, R.P., M. Gomez-Laverde & A.T. Peterson. 2002. Geographical distributions of spiny pocket mice in South America: insights from predictive models. *Global Ecology and Biogeography* 11: 131-141.
- Araujo, M.B., M. Cabeza, W. Thuiller, L. Hannah & P.H. Williams. 2004. Would climate change drive species out of reserves? An assessment of existing reserve-selection methods. *Global Change Biology* 10: 1618-1626.
- Araujo, M.B. & M. New. 2006. Ensemble forecasting of species distributions. *Trends in Ecology & Evolution* 22: 42-47.
- Austin, M. 2007. Species distribution models and ecological theory: a critical assessment and some possible new approaches. *Ecological Modelling* 200: 1-19.
- Beaumont, L.J., L. Hughes & M. Poulsen. 2005. Predicting species distributions: use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species' current and future distributions. *Ecological Modelling* 186: 250-269.
- Broennimann, O., U.A. Treier, H. Muller-Scharer, W. Thuiller, A.T. Peterson & A. Guisan. 2007. Evidence of climatic niche shift during biological invasion. *Ecology Letters* 10: 701-709.
- Brotens, L., W. Thuiller, M.B. Araujo & A.H. Hirzel. 2004. Presence-absence versus presence-only modelling methods for predicting bird habitat suitability. *Ecography* 27: 437-448.
- Cristianini, N. & J. Shawe-Taylor. 2000. An introduction to support vector machines and other kernel-based learning methods. Cambridge University Press, London.
- Dudik, M., S.J. Phillips & R.E. Schapire. 2004. Performance guarantees for regularized maximum entropy density estimation. *Proceedings of the 17th Annual Conference on Computational Learning Theory* 655-662.
- Elith, J. & J. Leathwick, J. 2007. Predicting species distributions from museum and herbarium records using multiresponse models fitted with multivariate adaptive regression splines. *Diversity and Distributions* 13: 265-275.
- Elith, J., C.H. Graham, R.P. Anderson, M. Dudik, S. Ferrier, A. Guisan, R.J. Hijmans, F. Huettmann, J.R. Leathwick, A. Lehmann, J. Li, L.G. Lohmann, B.A. Loiselle, G. Manion, C. Moritz, M. Nakamura, Y. Nakazawa, J.M. Overton, A.T. Peterson, S.J. Phillips, K. Richardson, R. Scachetti-Pereira, R.E. Schapire, J. Soberon, S. Williams, M.S. Wisz & N.E. Zimmermann. 2006. Novel methods improve prediction of species distributions from occurrence data. *Ecography* 29: 129-151.
- Engler, R., A. Guisan & L. Rechsteiner, L. 2004. An improved approach for predicting the distribution of rare and endangered species from occurrence and pseudo-absence data. *Journal of Applied Ecology* 41: 263-274.
- Farber, O. & R. Kadmon. 2003. Assessment of alternative approaches for bioclimatic modeling with special emphasis on the Mahalanobis distance. *Ecological Modelling* 160: 115-130.
- Ganeshiah, K.N., N. Barve, N. Nath, K. Chandrashekara, M. Swamy & R.U. Shaanker. 2003. Predicting the potential geographical distribution of the sugarcane woolly aphid using GARP and DIVA-GIS. *Current Science* 85: 1526-1528.
- Gavin, D.G. & F.S. Hu. 2005. Bioclimatic modelling using Gaussian mixture distributions and multiscale segmentation. *Global Ecology and Biogeography* 14: 491-501.
- Guisan, A. & W. Thuiller. 2005. Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters* 8: 993-1009.
- Guisan, A., O. Broennimann, R. Engler, M. Vust, N.G. Yoccoz, A. Lehmann & N. E. Zimmermann. 2006. Using niche-based models to improve the sampling of rare species. *Conservation Biology* 20: 501-511.
- Guisan, A., T.C. Edwards & T. Hastie. 2002. Generalized linear and generalized additive models in studies of species distributions: setting the scene. *Ecological Modelling* 157: 89-100.
- Hargrove, W.W. & F.M. Hoffman. 2004. Potential of multivariate quantitative methods for delineation and visualization of ecoregions. *Environmental Management* 34: S39-S60.
- Heikkinen, R.K., M. Luoto, M.B. Araujo, R. Virkkala, W. Thuiller & M.T. Sykes. 2006. Methods and uncertainties in bioclimatic envelope modelling under climate change. *Progress in Physical Geography* 30: 751-777.
- Herborg, L.M., C.L. Jerde, D.M. Lodge, G.M. Ruiz & H.J. MacIsaac. 2007. Predicting invasion risk using measures of introduction effort and environmental niche models. *Ecological Applications* 17: 663-674.
- Hernandez, P.A., C.H. Graham, L.L. Master & D.L. Albert. 2006. The effect of sample size and species characteristics on performance of different species distribution modeling methods. *Ecography* 29: 773-785.
- Hettrich, A. & S. Rosenzweig. 2003. Multivariate statistics as a tool for model-based prediction of floodplain vegetation and fauna. *Ecological Modelling* 169: 73-87.
- Hijmans, R.J. & C.H. Graham. 2006. The ability of climate envelope models to predict the effect of climate change on species distributions. *Global Change Biology* 12: 2272-2281.
- Hijmans, R.J., L. Guarino & E. Rojas. 2002. DIVA-GIS, version 2. A geographic information system for the analysis of biodiversity data. Manual. International Potato Center, Lima, Peru.
- Hijmans, R.J., S.E. Cameron, J.L. Parra, P.G. Jones & A. Jarvis. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 25: 1965-1978.
- Hirzel, A.H. & R. Arlettaz. 2003. Modeling habitat suitability for complex species distributions by environmental-distance geometric mean. *Environmental Management* 32: 614-623.
- Hutchinson, G.E. 1957. Concluding remarks. *Cold Spring Harbor Symposium of Quantitative Biology* 22: 415-427.
- Hutchinson, G.E. 1981. *Introducción a la Ecología de Poblaciones*. Blume Ecología, Barcelona.

- IUCN. 2004 IUCN red list of threatened species. <http://www.redlist.org/> 2005.
- Jimenez-Valverde, A. & J.M. Lobo. 2006. The ghost of unbalanced species distribution data in geographical model predictions. *Diversity and Distributions* 12: 521-524.
- Joy, M.K. & R.G. Death. 2004. Predictive modelling and spatial mapping of freshwater fish and decapod assemblages using GIS and neural networks. *Freshwater Biology* 49: 1036-1052.
- Leathwick, J.R., D. Rowe, J. Richardson, J. Elith & T. Hastie. 2005. Using multivariate adaptive regression splines to predict the distributions of New Zealand's freshwater diadromous fish. *Freshwater Biology* 50: 2034-2052.
- Leathwick, J.R., J. Elith & T. Hastie. 2006. Comparative performance of generalized additive models and multivariate adaptive regression splines for statistical modelling of species distributions. *Ecological Modelling* 199: 188-196.
- Lehmann, A., J.M. Overton & J.R. Leathwick. 2002. GRASP: generalized regression analysis and spatial prediction. *Ecological Modelling* 157: 189-207.
- Liu, C.R., P.M. Berry, T.P. Dawson & R.G. Pearson. 2005. Selecting thresholds of occurrence in the prediction of species distributions. *Ecography* 28: 385-393.
- Loo, S.E., R. Mac Nally & P.S. Lake. 2007. Forecasting New Zealand mudsnail invasion range: Model comparisons using native and invaded ranges. *Ecological Applications* 17: 181-189.
- Luoto, M., J. Poyry, R.K. Heikkinen & K. Saarinen. 2005. Uncertainty of bioclimate envelope models based on the geographical distribution of species. *Global Ecology and Biogeography* 14: 575-584.
- Manel, S., H.C. Williams & S.J. Ormerod. 2001. Evaluating presence-absence models in ecology: the need to account for prevalence. *Journal of Applied Ecology* 38: 921-931.
- Martinez, I., F. Carreno, A. Escudero & A. Rubio. 2006. Are threatened lichen species well-protected in Spain? Effectiveness of a protected areas network. *Biological Conservation* 133: 500-511.
- Noy-Meir, I., D. Wlaker & W.T. Williams. 1975. Data transformations in ecological ordination. II. On the meaning of data standardization. *Journal of Ecology* 63: 779-800.
- Parra-Olea, G., E. Martinez-Meyer & G.F.P. de Leon. 2005. Forecasting climate change effects on salamander distribution in the highlands of central Mexico. *Biotropica* 37: 202-208.
- Pearce, J. & S. Ferrier. 2000. Evaluating the predictive performance of habitat models developed using logistic regression. *Ecological Modelling* 133: 225-245.
- Pearson, R.G., W. Thuiller, M.B. Araujo, E. Martinez-Meyer, L. Brotons, C. McClean, L. Miles, P. Segurado, T.P. Dawson & D. C. Lees. 2006. Model based uncertainty in species range prediction. *Journal of Biogeography* 33: 1704-1708.
- Pearson, R.G., C.J. Raxworthy, M. Nakamura & A.T. Peterson. 2007. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography* 34: 102-117.
- Pereira, R.S. & M.F. Siqueira, M.F. no prelo. *Algoritmos Genéticos. Megadiversidade*.
- Peterjohn, B.G. 2001. Some considerations on the use of ecological models to predict species' geographic distributions. *Condor* 103: 661-663.
- Peterson, A.T. 2001. Predicting species' geographic distributions based on ecological niche modeling. *Condor* 103: 599-605.
- Peterson, A.T. 2003. Predicting the geography of species' invasions via ecological niche modeling. *Quarterly Review of Biology* 78: 419-433.
- Peterson, A.T. & D.A. Kluza. 2003. New distributional modelling approaches for gap analysis. *Animal Conservation* 6: 47-54.
- Phillips, S.J., R.P. Anderson & R.E. Schapire. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling* 190: 231-259.
- Raxworthy, C.J., E. Martinez-Meyer, N. Horning, R.A. Nussbaum, G.E. Schneider, M. Ortega-Huerta & A.T. Peterson. 2003. Predicting distributions of known and unknown reptile species in Madagascar. *Nature* 426: 837-841.
- Robertson, M.P., C.I. Peter, M.H. Villet & B.S. Ripley. 2003. Comparing models for predicting species' potential distributions: a case study using correlative and mechanistic predictive modelling techniques. *Ecological Modelling* 164: 153-167.
- Rouget, M., D.M. Richardson, S.J. Milton & D. Polakow. 2001. Predicting invasion dynamics of four alien *Pinus* species in a highly fragmented semi-arid shrubland in South Africa. *Plant Ecology* 152: 79-92.
- Santana, F.S., M.F. Siqueira, A.M. Saraiva & P.L.P. Correa. no prelo. A reference business process for ecological niche modelling. *Ecological Informatics*.
- Segurado, P., M.B. Araujo & W.E. Kunin. 2006. Consequences of spatial autocorrelation for niche-based models. *Journal of Applied Ecology* 43: 433-444.
- Siqueira, M.F. 2005. Uso de modelagem de nicho fundamental na avaliação do padrão de distribuição geográfica de espécies vegetais. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo, Escola de Engenharia de São Carlos. 107pp.
- Siqueira, M.F. & G. Durigan. 2007. Modelagem da distribuição geográfica de espécies lenhosas de cerrado no Estado de São Paulo. *Revista Brasileira de Botânica* 30: 249.
- Soberón, J. 2007. Grinnellian and Eltonian niches and geographic distributions of species. *Ecology Letters* 10: 1115-1123.
- Stephenson, C.M., M.L. MacKenzie, C. Edwards & J.M.J. Travis. 2006. Modelling establishment probabilities of an exotic plant, *Rhododendron ponticum*, invading a heterogeneous, woodland landscape using logistic regression with spatial autocorrelation. *Ecological Modelling* 193: 747-758.
- Stockman, A.K., D.A. Beamer & J.E. Bond. 2006. An evaluation of a GARP model as an approach to predicting the spatial distribution of non-vagile invertebrate species. *Diversity and Distributions* 12: 81-89.
- Stockwell, D.R.B. 2006. Improving ecological niche models by data mining large environmental datasets for surrogate models. *Ecological Modelling* 192: 188-196.
- Stockwell, D.R.B. & A.T. Peterson. 2002. Effects of sample size on accuracy of species distribution models. *Ecological Modelling* 148: 1-13.
- Stoddard, A.M. 1979. Standardization of measures prior to cluster analysis. *Biometrics* 35: 765-773.
- Suarez-Seoane, S., P.E. Osborne & J.C. Alonso. 2002. Large-scale habitat selection by agricultural steppe birds in Spain: identifying species-habitat responses using generalized additive models. *Journal of Applied Ecology* 39: 755-771.

- Sutherst, R.W. & G. Maywald, G. 2005. A climate model of the red imported fire ant, *Solenopsis invicta* Buren (Hymenoptera: Formicidae): Implications for invasion of new regions, particularly Oceania. *Environmental Entomology* 34: 317-335.
- Sutton, T., R. Giovanii & M.F. Siqueira. 2007. Introducing openModeller. *OSGeo Journal* 1: 1-6.
- Termansen, M., C.J. McClean & C.D. Preston. 2006. The use of genetic algorithms and Bayesian classification to model species distributions. *Ecological Modelling* 192: 410-424.
- Thuiller, W. 2003. BIOMOD - optimizing predictions of species distributions and projecting potential future shifts under global change. *Global Change Biology* 9: 1353-1362.
- Thuiller, W., S. Lavorel & M.B. Araujo. 2005. Niche properties and geographical extent as predictors of species sensitivity to climate change. *Global Ecology and Biogeography* 14: 347-357.
- Vapnik, V. 1995. *The Nature of Statistical Learning Theory*. Springer Verlag
- Villordon, A., W. Njuguna, S. Gichuki, P. Ndolo, H. Kulembeka, S.C. Jeremiah, D. LaBonte, B. Yada, P. Tukamuhabwa & R.O.M. Mwanga. 2006. Using GIS-based tools and distribution modeling to determine sweetpotato germplasm exploration and documentation priorities in sub-Saharan Africa. *Hortscience* 41: 1377-1381.

Padrões de endemismos e a conservação da biodiversidade

CLAUDIO JOSÉ BARROS DE CARVALHO

Departamento de Zoologia, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Brasil.
e-mail: cjbarva@ufpr.br

RESUMO

A diversidade biológica na Terra não está distribuída uniformemente e esta distribuição não ocorre ao acaso. Existem áreas que possuem maior endemismo do que outras, que são entendidas como um setor geográfico definido e delimitado a partir da combinação de áreas de distribuição de táxons exclusivos, i.e., espécie ou grupos de espécies relacionados com ocorrência única nesta região particular. A conservação das espécies se baseia fortemente no conceito de endemismo e também no número de espécies existentes. Estes enfoques são melhor visualizados através de métodos biogeográficos que têm o objetivo de entender criticamente os padrões da distribuição espacial dos organismos e responder como esses padrões foram formados. Neste trabalho são discutidos métodos pan-biogeográficos, que têm sido utilizados com o objetivo de indicação de áreas para conservação. Esses métodos são fundamentalmente históricos e possuem características não encontradas em outros métodos utilizados para delimitação de áreas para conservação: metodologia robusta, objetiva, empiricamente testável, relativamente rápida, de baixo custo e baseada em informação taxonômica disponível. Análise de traços e análise parcimoniosa de endemismos (PAE) são os principais métodos utilizados. O primeiro parte da construção de traços (individuais e generalizados) e descoberta dos nós biogeográficos, e o segundo delimita as áreas baseado em quadrículas ou quadrantes. Desta forma, não é necessário assumir áreas previamente estabelecidas, i.e., ecorregiões, como unidade de análise. As áreas encontradas por esses métodos foram comparadas com as unidades de conservação da região sul do Brasil e do Cerrado. Porém, para uma efetiva conservação da biodiversidade, além da utilização de metodologias históricas e preditivas, é fundamental que se conheça realmente a biodiversidade. Para tanto, é essencial que haja um maior incremento de políticas estatais e privadas para a formação de taxonomistas, profissionais fundamentais para o real conhecimento da biodiversidade. Isto é trivial: não existe conservação de biodiversidade desconhecida.

ABSTRACT

The biological diversity on Earth is not evenly distributed, and this distribution is not random. There are areas with higher levels of endemism than others, which are understood as a geographical sector defined and delimited through the combination of distribution areas of exclusive taxa, i.e., species

or groups of species related by their unique occurrence in a particular region. Species conservation is strongly based on the concept of endemism, as well as on the number of existing species. These emphases are better visualized through biogeographical methods whose goal is to understand in detail the spatial distribution patterns of organisms and to answer how these patterns were formed. In the present study, the pan-biogeographical methods that have been used with the goal of indicating conservation areas are discussed. These methods are fundamentally historical and possess characteristics that are not found in other methods to delimit conservation areas, namely: a methodology that is robust, objective, empirically testable, relatively rapid, low-cost, and based on the available taxonomic information. Trace analysis and parsimony analysis of endemism (PAE) are the most used methods. The first method starts from the construction of traces (individual and generalized) and the discovery of biogeographical nodes, whereas the second delimits areas based on quadrats, which is one of the variants of this method. Thus, it is not necessary to assume previously established areas, i.e., ecoregions, as the units for analysis. The areas uncovered by these methods were compared to the conservation units in southern Brazil and in the Cerrado. However, in order to effectively conserve biodiversity, in addition to using historical and predictive methods, it is fundamental to understand the biodiversity. To that end, it is essential to promote State and private policies to train taxonomists – professionals that are fundamental to the real knowledge of biodiversity. This is a truism: there is no conservation of unknown biodiversity.

INTRODUÇÃO

A diversidade biológica na Terra não está distribuída uniformemente, pois os organismos não se distribuem ao acaso. Este padrão de distribuição de espécies é fortemente influenciado por caracteres históricos e ecológicos e deve ser visualizado dentro do processo evolutivo de toda a biota. Como consequência disto existem áreas que possuem maior biodiversidade do que outras áreas nos seus principais aspectos como taxonômico, genético e de ecossistemas. Os diferentes processos que podem dar origem a esses padrões devem também ser avaliados, para que se compreenda a formação desses padrões de endemismos (Carvalho, 2004).

O padrão de distribuição dos organismos é melhor entendido pela Biogeografia, ciência considerada subordinada a outras áreas de conhecimento até a pouco tempo atrás, mas atualmente entendida como disciplina única com seus próprios fundamentos e métodos (Nihei, 2006). Cada vez mais seus métodos têm sido importantes para se compreender o padrão de distribuição das espécies em um sentido global e, além disso, têm sido importante para o entendimento de aspectos de outras áreas de conhecimento (Donoghue & Moore, 2003). A biogeografia procura desvendar os padrões de distribuição e quais foram os processos que os geraram. Historicamente, tem sido dividida em duas vertentes, Biogeografia Histórica e Biogeografia Ecológica, diferenciadas basicamente pela escala espaço-temporal que

investigam. Contudo, ultimamente essa visão dicotômica tem sido ofuscada pelo recente reconhecimento de que fatores históricos têm modelado os padrões de diversidade não somente em escalas globais, mas também em escalas locais, e que fatores ecológicos podem causar diferenciação e cladogênese (Mário Sigrist & Claudio J.B. de Carvalho, comunicação pessoal).

Área de endemismo é entendida como uma região geográfica indicada a partir da combinação de áreas de distribuição de táxons endêmicos, isto é, espécie ou grupos de espécies relacionados com ocorrência exclusiva em uma região particular. O padrão de endemismo possui claramente o componente espacial, pois é delimitado e entendido a partir da distribuição das espécies. Entretanto, deve-se entender que espaço é um conceito relativo, pois não existe um espaço absoluto, mas uma área que apenas pode ser compreendida junto com os organismos que ocorrem em um determinado tempo (Craw *et al.*, 1999; Santos & Amorim, 2007). Os componentes essenciais da biodiversidade são: espaço, área ou local de ocorrência dos organismos; tempo, período de ocorrência dos organismos; forma, entendimento das variações dos atributos dos organismos (espécies) em relação as suas semelhanças e diferenças (Croizat, 1964).

Existe um entendimento geral que a evolução da Terra afetou a distribuição da distribuição da vida. Neste enfoque, a formação da biodiversidade é entendida fortemente como de origem histórica (Carvalho, 2004).

PADRÕES DE ENDEMISMOS

A biogeografia e a descoberta dos padrões biogeográficos das espécies têm recebido uma maior atenção pelas implicações no próprio conhecimento da evolução da biodiversidade. Mais recentemente está sendo incluída também nos esforços conservacionistas em uma visão integrada (Morrone, 2000) emergindo também como uma ciência de importância central para ações para conservação (Whittaker *et al.*, 2005).

Endemismo tem sido utilizado frequentemente como um dos critérios para escolha de áreas com propósitos para conservação de espécies (Prevedello & Carvalho, 2006). Entretanto, apesar dessas áreas serem delimitadas pela sobreposição de mapas de distribuição de uma grande variedade de espécies mostrando uma alta concentração de distribuições sobrepostas (Silva *et al.*, 2004), a não arbitrária indicação dessas áreas está correlacionada a fidelidade e premissas do método a ser utilizado (Axelius, 1991; Morrone 1994).

CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE

Desde a década de 80 é entendido que a perda da biodiversidade tem sido causada pela ação do homem e atualmente a maioria da comunidade científica concorda que o principal desafio deste século é prevenir esta perda da biodiversidade. Mas como fazer isto, tendo em mente que é necessário conhecer, no mínimo razoavelmente, os componentes biológicos do sistema a ser conservado? Saber “O que, onde e como conservar” é primordial, pois estes componentes, e principalmente os dois primeiros, são temas de âmbito biológico (Brandon *et al.*, 2005). Logo, a conservação das espécies se baseia fortemente no conceito de endemismo como também no número de espécies existentes. Estas decisões são melhor visualizadas através de métodos biogeográficos que têm o objetivo de entender criticamente os padrões da distribuição espacial dos organismos e responder como esses padrões foram formados.

Os *hotspots* (*sensu* Myers *et al.*, 2000) possuem importância inequívoca para a conservação da biodiversidade principalmente pela maior divulgação do conceito de conservação desde o final dos anos 80. Entretanto, são conhecidos outros tipos de *hotspots* (por exemplo, o de Croizat, 1958) onde metodologias diferentes são empregadas para a descoberta de cada um deles. É plausível entender que a área, componente espacial dos diversos *hotspots* não seja congruente se diferentes metodologias são utilizadas.

A questão principal que se apresenta é qual dos conceitos de *hotspots* é o mais adequado para ser utilizado na conservação da biodiversidade. Apesar disto ainda não ser um tema trivial na literatura, já estão sendo comparados diferentes tipos de *hotspots* e quais deles possuem a melhor interpretação do conjunto de organismos (espécies) que pode ser conservado (Orme *et al.*, 2005).

PAN-BIOGEOGRAFIA

A pan-biogeografia idealizada por León Croizat em meados do século passado (Croizat, 1958) é uma das principais linhas de estudo da biogeografia histórica (Morrone & Crisci, 1995). Uma das principais aplicações desse enfoque é a delimitação de unidades biogeográficas naturais, sendo por isso um elemento primordial para o entendimento da evolução do espaço-tempo (Morrone, 2004).

A pan-biogeografia inclui métodos que são fundamentalmente históricos e possuem características não encontradas em outros métodos utilizados para a escolha e delimitação de áreas para conservação: metodologia robusta, objetiva, empiricamente testável, relativamente rápida, de baixo custo e baseada em informação taxonômica disponível (Prevedello & Carvalho, 2006). Diferentemente de outros métodos utilizados para a escolha de áreas para conservação onde normalmente o grau de subjetividade da escolha das áreas é alto, a pan-biogeografia incorpora a trajetória histórica da formação da biota. Cabe ressaltar que o entendimento da história da biota é essencial quando se objetiva a conservação, em longo prazo, da biodiversidade, subsidiando esforços mais concretos de manejo e estabelecimento de políticas e prioridades para conservação (Prevedello & Carvalho, 2006).

Atualmente a pan-biogeografia está dividida em quatro abordagens (Morrone, 2005), duas delas – Métodos dos traços e Análise Parcimoniosa de Endemismos (PAE) – estão sendo utilizadas recentemente como ferramentas para escolha de áreas com propósitos para conservação.

MÉTODOS DOS TRAÇOS

O método de traços consiste basicamente no estabelecimento do padrão da distribuição dos grupos a partir da união de pontos de distribuição da espécie (ou táxon) através de linhas, respeitando-se o critério da menor

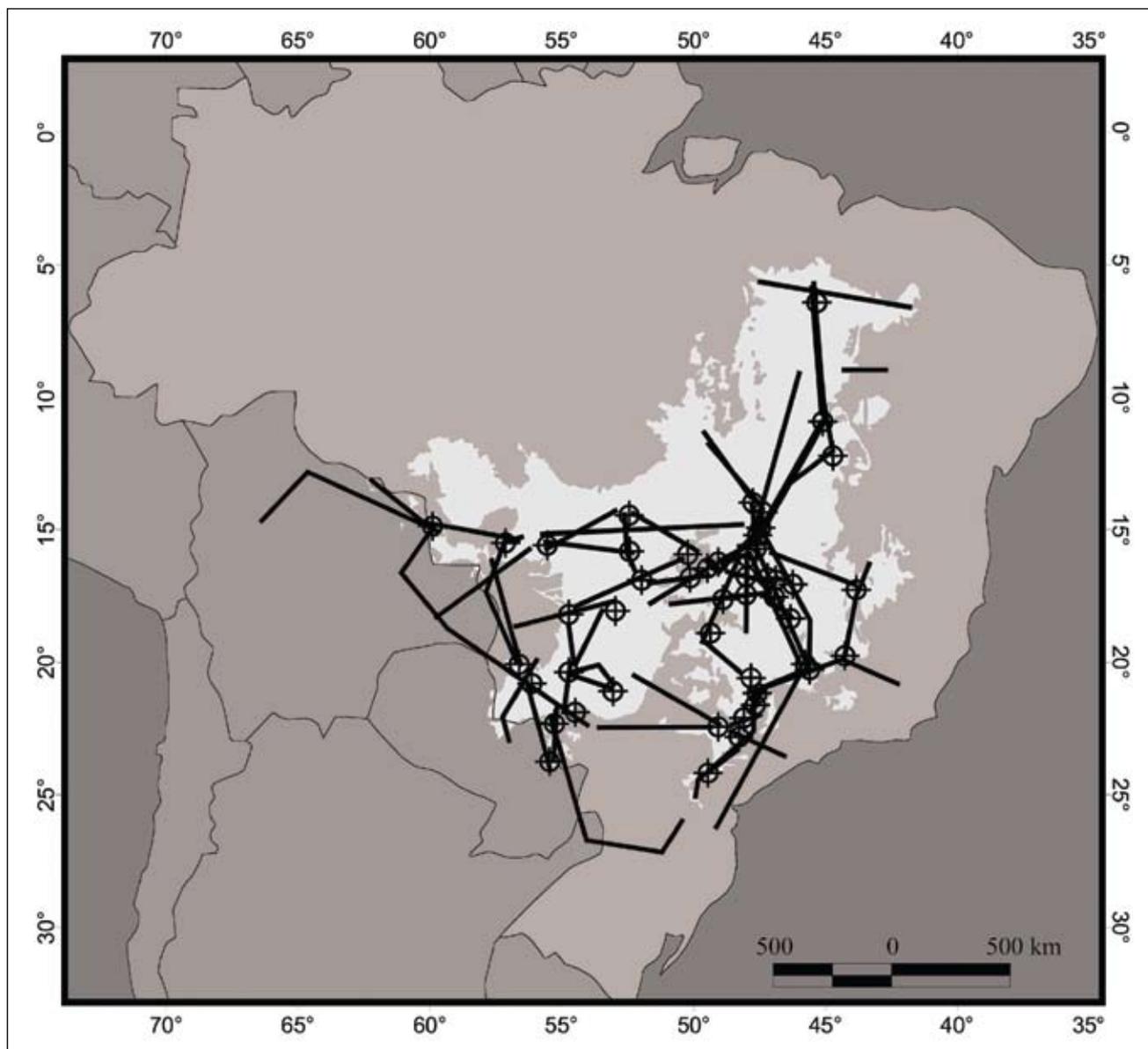


FIGURA 1 – Traços generalizados e nós biogeográficos identificados para o Cerrado a partir de dados de distribuição de 149 espécies de plantas, mamíferos, aves e insetos (modificado de Prevedello & Carvalho, 2006).

distância geográfica entre eles. É denominado como traço individual o conjunto de linhas que unem os pontos de distribuição do táxon representando a área de distribuição atual. Quando dois ou mais traços se sobrepõem é originado um traço generalizado (Morrone & Crisci, 1995). Pode-se entender que estes traços representem padrões de distribuição atuais de biotas ancestrais que foram fragmentados (Craw *et al.*, 1999). Os traços generalizados equivalem a componentes bióticos que podem ser ordenados hierarquicamente em um sistema de classificação biogeográfica (Morrone, 2004).

Nó biogeográfico é reconhecido pelos pontos de interseção ou proximidade entre dois ou mais traços generalizados. São interpretados com a representação gráfica de áreas compostas ou híbridas e biológica e geologicamente complexas onde se unem diferentes histórias geográficas e filogenéticas (Craw *et al.*, 1999; Morrone, 2000).

Este enfoque foi utilizado como ferramenta para definição de melhores áreas para conservação em outros países (Grehan, 1989; Luna-Vega *et al.*, 2000). No Brasil, foi utilizada para estudar o Cerrado, uma das áreas mais ameaçadas de destruição. O método foi utilizado com

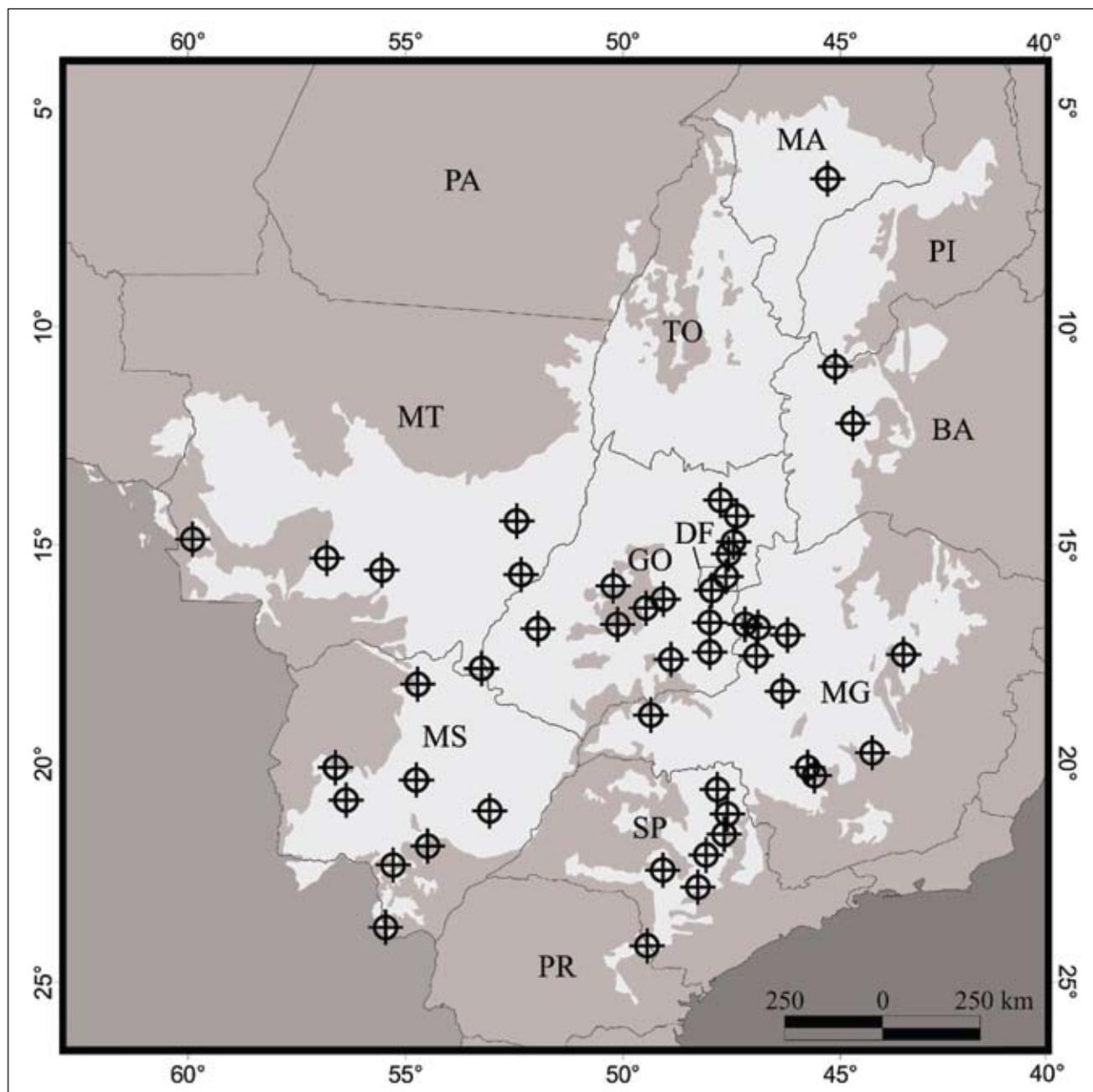


FIGURA 2 – Distribuição dos nós biogeográficos no Cerrado (modificado de Prevedello & Carvalho, 2006).

dados de distribuição de 149 espécies, baseado na literatura, pertencentes a gêneros de plantas, mamíferos, aves e insetos em 915 localidades da América do Sul sendo que 55 espécies mostraram-se informativas para as análises. Foram identificados 48 nós biogeográficos no Cerrado que representam áreas prioritárias à conservação do bioma (Figura 1). O que foi constatado é que 79% dos nós biogeográficos encontram-se fora das unidades de conservação, demonstrando a deficiência do atual sistema de áreas protegidas do Cerrado para

a manutenção da diversidade histórico-biogeográfica do bioma (Figuras 2, 3). Diversos nós biogeográficos situam-se em áreas priorizadas anteriormente por outros autores utilizando outros métodos, mas dos 11 nós biogeográficos não relacionados em estudos anteriores, 10 encontram-se em áreas grandemente degradadas. Desde forma devem ser realizados esforços para a restauração dessas áreas, pois são importantes na estrutura biogeográfica/conservacionista intrínseca do Cerrado (Prevedello & Carvalho, 2006).

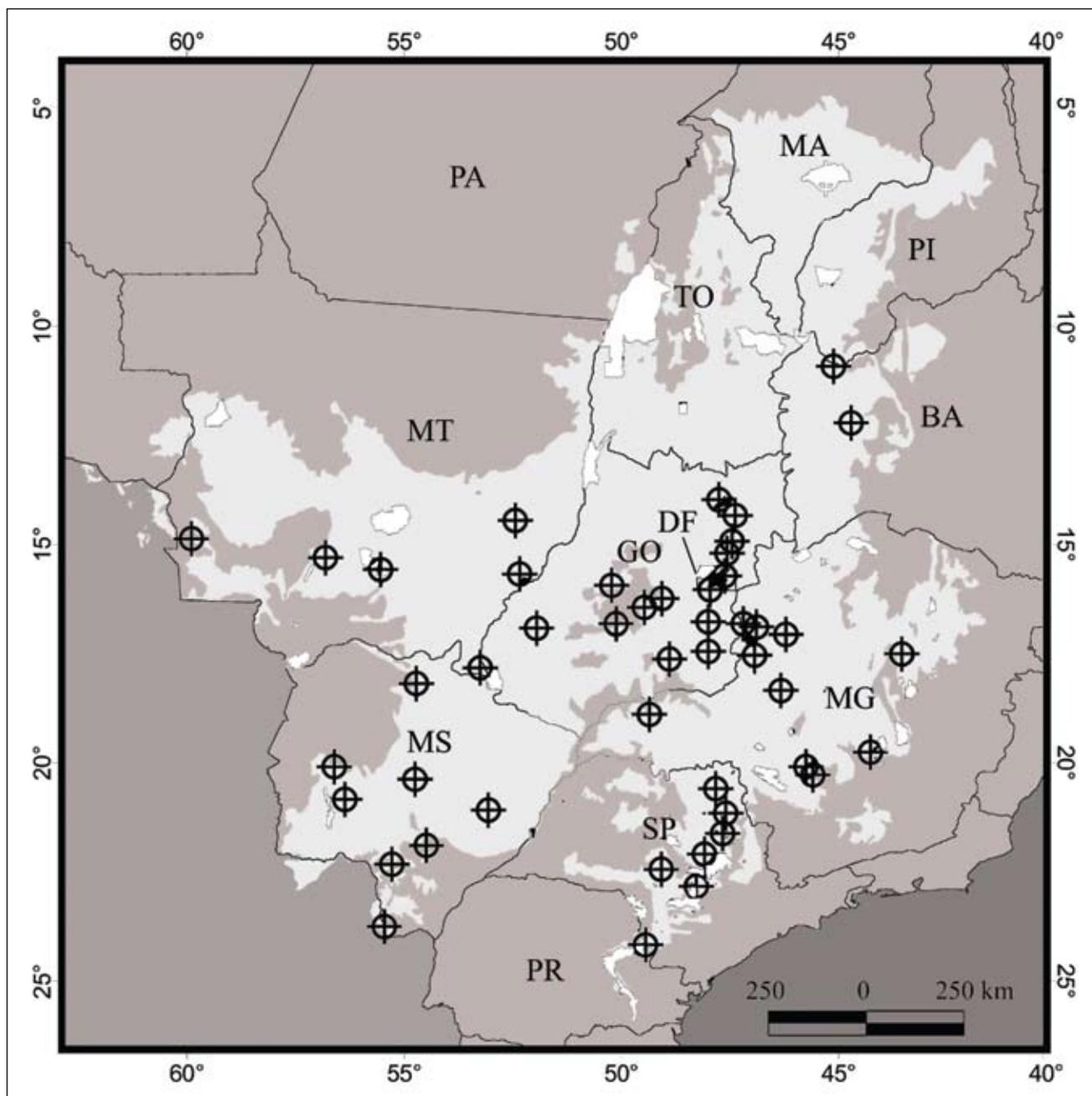


FIGURA 3 – Comparação dos nós biogeográficos e as Unidades de Conservação do Cerrado (áreas em branco) (modificado de Prevedello & Carvalho, 2006).

ANÁLISE PARCIMONIOSA DE ENDEMISMOS (PAE)

A análise parcimoniosa de endemismos (*Parsimony Analysis of Endemicity*) (PAE) utiliza localidades ou áreas que compartilham espécies ou táxons para encontrar a melhor solução parcimoniosa representado pelo cladograma que tem como critério a análise de parcimônia (Morrone & Crisci, 1995; Carvalho, 2004;

Posadas *et al.*, 2006). O objetivo é postular o relacionamento biótico das unidades estudadas. A delimitação das áreas de endemismos é oriunda da análise de uma matriz de dados construída por presença/ausência das espécies na unidade de estudo. Esse método permite a geração de hipóteses (cladogramas) falseáveis, maximizando a congruência de distribuição de tantos táxons quanto possíveis (Posadas & Miranda-Esquivel, 1999).

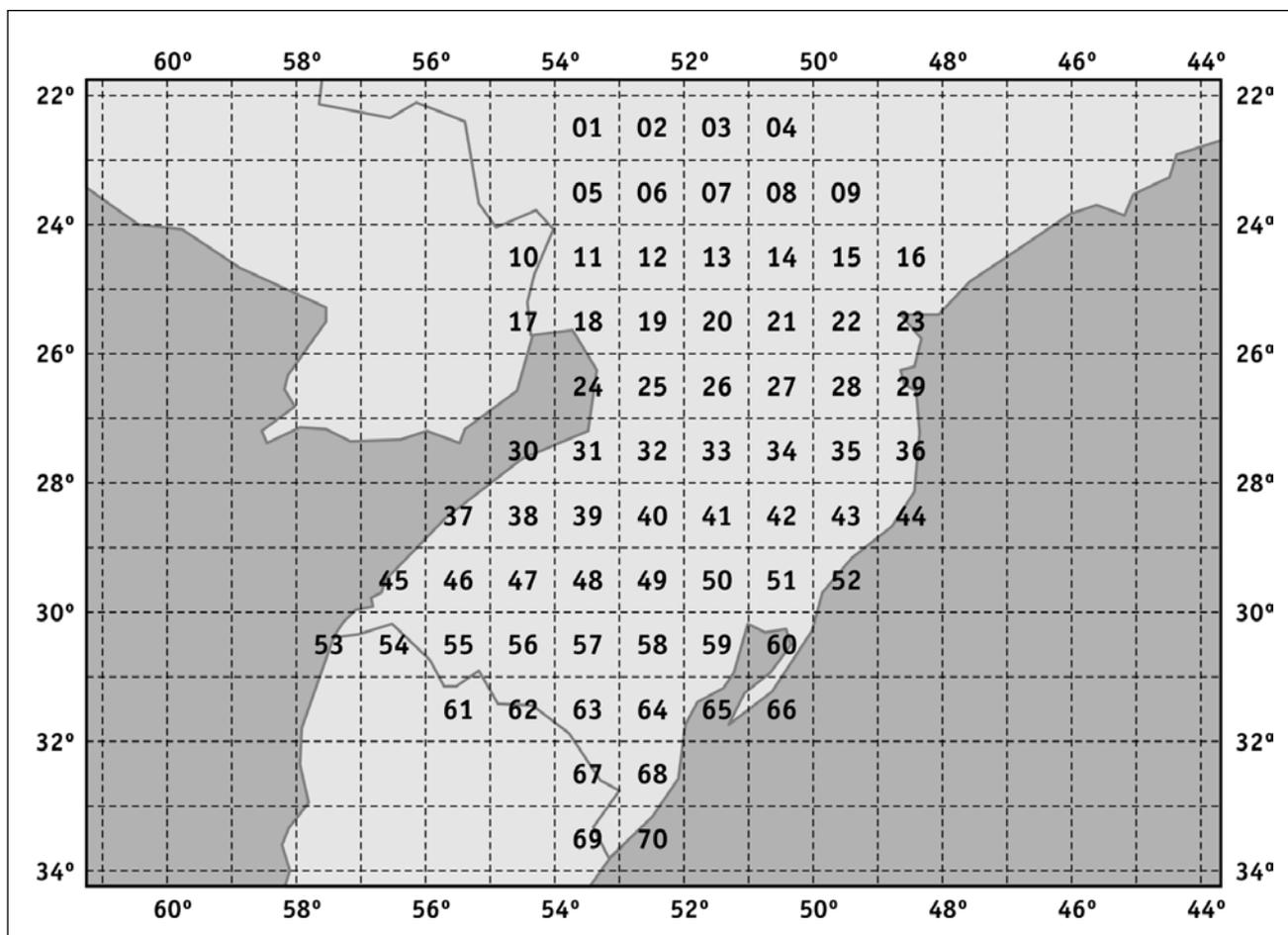


FIGURA 4 – Quadrículas numeradas de 1 grau de latitude por 1 grau de longitude sobrepostas aos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul (modificado de Löwenberg-Neto & Carvalho, 2004).

Existem algumas variantes do PAE desde que o método foi desenvolvido por Rosen (1988) em um sentido dinâmico – comparação de localidades com endemismos em diferentes estratos geológicos – ou estático, comparação de áreas no mesmo estrato (ver Nihei, 2006, para resumo). Logo após, Cracraft (1991) utilizou a metodologia do PAE em áreas de endemismos já previamente delimitadas e Morrone (1994) utilizou quadrantes ou quadrículas como unidades operacionais utilizadas para encontrar as áreas de endemismos. Utilizando esta modalidade, não é necessário assumir áreas previamente podendo ser utilizada como um critério para falsear ou corroborar áreas previamente estabelecidas, i.e., ecorregiões. Este enfoque poderia também ser utilizado para sugerir áreas que poderiam ser indicadas como corredores ecológicos (Löwenberg-Neto & Carvalho, 2004).

Para a região sul do Brasil foi utilizado o método PAE na modalidade de quadrículas com dados de distribuição de 175 espécies, baseado na literatura, pertencentes a 26 gêneros de plantas (22), insetos (3) e Squamata (1) em 301 localidades diferentes nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. Foram utilizadas quadrículas de 0,5 graus por 0,5 graus e de 1 grau por 1 grau de longitude (Figura 4). Nesta foram encontradas duas áreas de endemismos sobrepostas, com duas e quatro espécies sinapomórficas, respectivamente (Figura 5). Esta hipótese de área de endemismo foi comparada com as unidades de conservação (UC) estaduais e federais ressaltando o número reduzido de UC de Proteção Integral da região. Também oferece suporte a mudança de categorias das UC de Uso Sustentado para UC de Proteção Integral devido ao grau de endemismo encontrado da região (Löwenberg-Neto & Carvalho, 2004).

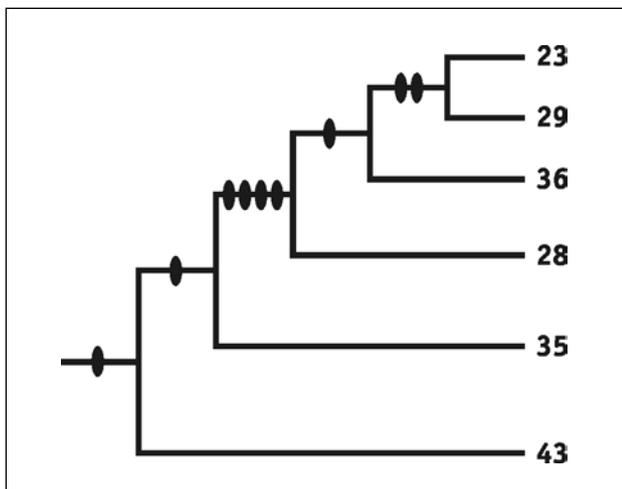


FIGURA 5 – Cladograma da análise de quadrícula de 1 grau de latitude por 1 grau de longitude reduzido apenas ao clado com áreas de endemismos com duas ou mais espécies. As barras pretas indicam espécies sinapomórficas que delimitam as duas áreas de endemismo sobrepostas (quadrículas 23, 29 e quadrículas 23, 29, 36, 28, respectivamente) (modificado de Löwenberg-Neto & Carvalho, 2004).

QUEM DESCREVE A BIODIVERSIDADE?

A biodiversidade dos trópicos é maior do que nas regiões temperadas, fato já entendido desde o século XIX. Os principais países megadiversos estão nestas áreas e o Brasil, com a maioria de sua porção localizada nos trópicos, possui inequívoca importância para o conhecimento da biodiversidade do planeta. É provável que o país contenha mais do que 13% de toda a biota mundial. Entretanto é bastante plausível que esta estimativa esteja subestimada (Lewinsohn & Prado, 2005). Deve ser ressaltado que o conhecimento da nossa biodiversidade é ainda inadequado porque muito da diversidade que conhecemos ainda não foi formalmente descrita ou catalogada. A maioria das nossas espécies é conhecida fragmentariamente tanto em aspectos taxonômicos como de distribuição (Whittaker *et al.*, 2005).

Mas, quem descreve a biodiversidade? São os taxonomistas, profissionais essenciais para o real conhecimento da biodiversidade. Eles descobrem e descrevem as espécies, deixando-as acessíveis através dos nomes científicos e classificação para serem utilizadas nas diversas áreas correlacionadas. Em escala mundial, principalmente em países com uma diversidade bem menor, existe um declínio do número e atuação dos taxonomistas (Wheeler *et al.*, 2004). No Brasil o problema do desconhecimento da biodiversidade está amplificado. Aqui estão reunidos dois grandes problemas para o

conhecimento da biodiversidade: riqueza exuberante e número reduzido de pessoal qualificado para descrevê-la. Isto ocorre em todos os grupos, mas é gritante em alguns grupos diversos de vertebrados e principalmente na grande maioria dos invertebrados. Nos insetos, por exemplo, existem diversos grupos importantes muito pouco conhecidos sobre diversos aspectos. A maioria deles não possui um simples inventário das espécies brasileiras conhecidas (Carvalho, 1998).

Mesmo em grupos de vertebrados, como por exemplo os répteis, o conhecimento taxonômico está no estágio inicial. A maioria das espécies é ainda conhecida taxonomicamente apenas no nível alfa (Rodrigues, 2005). No caso dos invertebrados o panorama é ainda muito mais desolador. Ordens inteiras de invertebrados não possuem nenhum taxonomista ativo, perpetuando a falta de conhecimento desses grupos (Lewinsohn & Prado, 2005). Calcula-se que o número de sistematas no Brasil seja de cerca de um por cento das necessidades do país (Vanzolini, 1992).

Entretanto, como sabemos, a chave da biodiversidade são os nomes científicos. Eles formam a linguagem essencial para a comunicação. Sem eles, voltaríamos ao tempo da Torre de Babel (Thompson, 1997). Por outro lado, é de pouco valor a disponibilização de nomes de espécies sem critério ou com uma análise não realizada nos fundamentos de uma taxonomia atual (Wheeler, 2007). Por exemplo, todos os nomes específicos que estão disponíveis na literatura e que são considerados rotineiramente como espécies dentro da classificação Linneana, podem não reunir linhagens únicas (espécies monofiléticas), mas agrupamentos de linhagens de origens diferentes (espécies não monofiléticas). A inclusão de espécies não monofiléticas resultará em uma descrição incorreta da delimitação das espécies (Santos & Amorim, 2007), sendo evidentemente uma fonte de erros para o real entendimento da biodiversidade e ações que possam ser utilizadas a partir dessa informação.

Apesar de um maior envolvimento da sociedade como um todo nas questões voltadas a conservação da diversidade biológica, existe uma carência de taxonomistas no País que possam atender todas as demandas existentes tanto em ações de natureza básica ou aplicada nas ações de conservação. Para tanto, é essencial que haja um maior incremento de políticas estatais e privadas para a formação desses profissionais, fundamental e essencial para o real conhecimento da nossa biodiversidade. Algumas ações começaram a ser implementadas, como por exemplo, o Programa de Formação de Taxonomistas pelos órgãos de fomento, como o CNPq e CAPES, ação, porém que não tem certeza da sua continuidade.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A pan-biogeografia (*sensu* Morrone, 2005) pode ser utilizada com a finalidade de estabelecer áreas prioritárias para conservação (Grehan, 1989; Posadas & Miranda-Esquivel, 1999; Luna-Vega *et al.*, 2000; Löwenberg-Neto & Carvalho, 2004; Prevedello & Carvalho, 2006). Entretanto, apenas podemos conservar o que se conhece e, por isso, o primeiro estágio para conservar a biodiversidade é descrevê-la, mapeá-la e medi-la (Margules & Pressey, 2000), tarefa específica do sistemata ou taxônomo.

Em diagnóstico sobre a sistemática zoológica no Brasil, Marques & Lamas (2007) indicaram a falta de esforço para a formação de sistematas ou taxonomistas no País. Entretanto, apesar de que a nossa geração seja a primeira a compreender plenamente este problema (Wheeler *et al.*, 2004), existem poucas ações efetivas para solucionar este problema. Isto é grave. Como é de conhecimento geral para se conservar qualquer biodiversidade é necessário primeiro conhecê-la. Isto é trivial: não existe conservação de biodiversidade desconhecida.

AGRADECIMENTOS

Ao José Maria Cardoso da Silva e José Alexandre Felizola Diniz-Filho pelo convite para participar do Simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil” dentro do XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia em Curitiba. Ao Walter A.P. Boeger, Peter Löwenberg-Neto e Elaine Della Giustina Soares pela leitura crítica e sugestões a este artigo. Ao CNPq pela concessão de bolsa de estudos (processo 302454/2005–5).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Axelius, B. 1991. Areas of distribution and areas of endemism. *Cladistics* 7: 197-199.
- Brandon, K., G.A.B. da Fonseca, A.B. Rylands & J.M. C. da Silva. 2005. Conservação brasileira: desafios e oportunidades. *Megadiversidade* 1: 7-13.
- Carvalho, C.J.B. de. 1998. Taxonomista de insetos, uma espécie em extinção no Brasil. *Informativo da Sociedade Entomológica do Brasil* 23 (1): 1, 4.
- Carvalho, C.J.B. de. 2004. Ferramentas atuais da Biogeografia histórica para utilização em conservação. In: M.S. Milano, L.Y. Takahashi & M. de L. Nunes (org.). *Unidades de Conservação: atualidades e tendências 2004*. pp. 92-103. Fundação O Boticário de Proteção da Natureza, Curitiba, Brasil.
- Cracraft, J. 1991. Patterns of diversification within continental biotas: hierarchical congruence among the areas of endemism of Australian vertebrates. *Australian Systematic Botany* 4: 211-227.
- Craw, R.C., J.R. Grehan & M.J. Heads. 1999. *Panbiogeography; tracking the history of life*. Oxford University Press, New York.
- Croizat, L. 1958. *Panbiogeography*. Published by the author, Caracas, Venezuela.
- Croizat, L. 1964. *Space, Time, Form: The Biological Synthesis*. Published by the author, Caracas, Venezuela.
- Donoghue, M.J. & B.R. Moore. 2003. Toward an integrative Historical Biogeography. *Integrative & Comparative Biology* 43: 261-270.
- Grehan, J.R. 1989. Panbiogeography and conservation science in New Zealand. *New Zealand Journal of Zoology* 16: 731-748.
- Lewinsohn, T. & P.I. Prado. 2005. Quantas espécies há no Brasil? *Megadiversidade* 1: 36-42.
- Löwenberg-Neto, P. & C.J.B. de Carvalho. 2004. Análise Parcimoniosa de Endemicidade (PAE) na delimitação de áreas de endemismos: inferências para conservação da biodiversidade. *Natureza & Conservação* 2: 58-65.
- Luna-Vega, I., O.A. Ayala, J.J. Morrone & D.E. Organista. 2000. Track analysis and conservation priorities in the cloud forests of Hidalgo, México. *Diversity and Distribution* 6: 137-143.
- Margules, C.R. & R.L. Pressey. 2000. Systematic conservation planning. *Nature* 405: 243-253.
- Marques, A.C. & C.J.E. Lamas. 2007. Sistemática zoológica no Brasil: estado da arte, expectativas e sugestões de ações futuras. *Papéis Avulsos de Zoologia* 46 (13): 139-174.
- Morrone, J.J. 1994. On the identification of areas of endemism. *Systematic Biology* 43: 438-441.
- Morrone, J.J. 2004. Panbiogeografia: componentes bióticos y zonas de transición. *Revista Brasileira de Entomologia* 48: 149-162.
- Morrone, J.J. 2005. Cladistic Biogeography: identity and place. *Journal of Biogeography* 32:1281-1286.
- Morrone, J.J. 2000. La importancia de los Atlas Biogeográficos para la conservación de la biodiversidad. In: F. Martín-Piera, J.J. Morrone & A. Melic. (eds.). *Hacia un proyecto CYTED para el Inventario y Estimación de la Diversidad Entomológica em Iberoamérica: PrIBES 2000*. m3m – Monografias Tercer Milenio, vol. 1. pp. 69-78. Sociedad Entomológica Aragonesa, Zaragoza, Espanha.
- Morrone, J.J. & J.V. Crisci. 1995. Historical Biogeography: introduction to methods. *Annual Review of Ecology and Systematics* 26: 373-401.
- Myers, N., R.A. Mittermeier, C.G. Mittermeier, G.A.B. da Fonseca & J. Kent. 2000. Biodiversity hotspots for conservation priorities. *Nature* 403: 853-858.
- Nihei, S.S. 2006. Misconceptions about use of Parsimony Analysis of Endemicity. *Journal of Biogeography* 33: 2099-2106.
- Orme, C.D.L., R.G. Davies, M. Burgess, F. Eigenbrod, N. Pickup, V.A. Olson, A.J. Webster, T.S. Ding, P.C. Rasmussen, R.S. Ridgely, A.J. Stattersfield, P.M. Bennet, T.M. Blackburn, K.J. Gaston & I.P.F. Owens. 2005. Global hotspots of species richness are not congruent with endemism or threat. *Nature* 436: 1.016-1.019.
- Posadas, P. & D.R. Miranda-Esquivel. 1999. El PAE (Parsimony Analysis of Endemicity) como una herramienta en la evaluación

- de la biodiversidad. *Revista Chilena de Historia Natural* 72: 539-546.
- Posadas, P. & J.V. Crisci & L. Katinas. 2006. Historical biogeography: a review of its basic concepts and critical issues. *Journal of Arid Environments* 66: 389-403.
- Prevedello, J.A. & C.J.B. de Carvalho. 2006. Conservação do Cerrado brasileiro: o método pan-biogeográfico como ferramenta para a seleção de áreas prioritárias. *Natureza e Conservação* 4: 39-57.
- Rodrigues, M.T. 2005. Conservação dos répteis brasileiros: os desafios para um país megadiverso. *Megadiversidade* 1: 87-94.
- Rosen, B.R. 1988. From fossils to earth history: applied historical biogeography. In: A.A. Myers & P.S. Giller. (eds.). *Analytical biogeography: an integrated approach to the study of animal and plant distributions*. pp. 437-481. Chapman & Hall. London, Inglaterra.
- Santos, C.M.D. & D.S. Amorim. 2007. Why biogeographical hypotheses need a well supported phylogenetic framework: a conceptual evaluation. *Papéis Avulsos de Zoologia, São Paulo*, 47: 63-73.
- Silva, J.M.C. da, M.C. de Souza & C.H.M. Castelletti. 2004. Areas of endemism for passerine birds in the Atlantic forest, South America. *Global Ecology and Biogeography* 13: 85-92.
- Thompson, F.C. 1997. Names: the keys to biodiversity. In: M.L. Reaka-Kudia, D.E. Wilson & E.O. Wilson (eds.). *Biodiversity II: understanding and Protecting our biological resources*. pp. 199-211. Joseph Henry Press. Washington. EUA.
- Vanzolini, P.E. 1992. Paleoclimas e especiação em animais da América do Sul tropical. *Estudos Avançados* 6 (15): 41-65.
- Wheeler, Q.D. 2007. Invertebrate systematics or spineless taxonomy? *Zootaxa* 1668: 11-18.
- Wheeler, Q.D., P.H. Raven & E.O. Wilson. 2004. Taxonomy: impediment or expedient? *Science* 303 (5656): 265.
- Whittaker, R.J., M.B. Araújo, P. Jepson, R.J. Ladle, J.E.M. Watson & K.J. Willis. 2005. Conservation Biogeography: assessment and prospect. *Diversity and Distributions* 11: 3-23.

Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação

ALEXANDRE ALEIXO

Coordenação de Zoologia, Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Brasil.
e-mail: aleixo@museu-goeldi.br

RESUMO

Estimativas de diferentes parâmetros da biodiversidade têm em comum a utilização de espécies como as unidades mais fundamentais de análise. Consequentemente, políticas de conservação em diferentes níveis geopolíticos se utilizam de espécies como os principais indicadores de vulnerabilidade, desde o nível populacional até a escala de biomas inteiros. Apesar deste papel central que espécies desempenham na biologia da conservação, somente agora os efeitos complicadores na disciplina do grau de incerteza inerente à delimitação de limites inter-específicos começam a ser discutidos mais amplamente. Dois destes principais fatores são: 1) a existência de diferentes conceitos de espécie na biologia, o que resulta em diferentes estimativas de parâmetros da biodiversidade, dependendo do critério adotado; e 2) a grande discrepância no nível de conhecimento taxonômico de diferentes grupos biológicos, fator que impede a aplicação de critérios de delimitação inter-específicos consistentes e unificadores, comprometendo cálculos de parâmetros gerais de biodiversidade não enviesados por grupos mais bem trabalhados taxonomicamente. Com relação ao primeiro fator, independentemente da discussão acadêmica sobre o tema, uma definição ao mesmo tempo objetiva, pragmática e cientificamente correta de Unidades Evolutivas Significativas (UES) a serem consideradas, tanto na biologia da conservação quanto por agências governamentais de proteção ambiental, é necessária e urgente. Essa definição deve ser amplamente discutida com as sociedades científicas botânicas, microbiológicas e zoológicas, que deverão ser estimuladas a publicar e atualizar periodicamente listas destas unidades evolutivas (não necessariamente coincidentes com listas de espécies) para os seus respectivos grupos biológicos de interesse. Com relação ao segundo fator, há uma necessidade urgente da promoção de estudos taxonômicos como ferramentas fundamentais para a biologia da conservação, com a finalidade de aumentar o volume de recursos tanto de agências governamentais quanto de organizações não governamentais para um programa nacional de pesquisa em taxonomia e formação de recursos humanos especializados nesta área.

ABSTRACT

Species consist the most fundamental unit in biodiversity analyzes. Therefore, conservation strategies spanning from the population level to the scale of entire biomes use species as indicators of vulnerability. Despite the paramount role played by species in conservation biology, the adverse

effects associated with the uncertainty in assigning species limits have only recently been widely acknowledged and debated in the discipline. Among those effects, two can be singled out because of their major importance: 1) the existence of different species concepts, which results in different biodiversity estimates depending on the concept used; and 2) the striking discrepancy in the level of taxonomic knowledge available for different biological groups, which prevents the calculation of unbiased general biodiversity parameters across taxonomic boundaries. Regarding the first main effect, there is an urgent need for the definition of Evolutionary Significant Units (ESU) that are objective, operational, and scientifically correct at the same time, independently of the academic debate over species concepts; those ESU will be used in conservation biology and environmental law-enforcement, and should be agreed on by taxonomic committees put together by the different botanical, microbiological, and zoological professional societies, which should be stimulated to publish and continuously update check-lists of accepted ESU, not necessarily coincident with species limits. As for the second main effect, taxonomic research and training across different biological groups should be widely promoted through improved funding from non-governmental organizations (NGO's) as well as government agencies towards the goal of a comprehensive national research program in taxonomy.

INCERTEZA NA DELIMITAÇÃO DE ESPÉCIES: EFEITOS SOBRE A BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO

Apesar do papel central que espécies desempenham dentro de todas as disciplinas da biologia, incluindo a biologia da conservação, a definição técnica em torno deste termo é paradoxalmente ainda controversa entre os biólogos (Sites & Marshall, 2004; Hey *et al.*, 2003). Contribui bastante para isto a natureza temporal contínua do processo de especiação, que em muitas circunstâncias dificulta ou mesmo impede a delimitação de unidades totalmente discretas a serem rotuladas como espécies, independentemente do critério adotado (Queiroz, 2005).

Atualmente, o debate em torno de conceitos alternativos de espécie coloca em lados opostos o Conceito Biológico de Espécie (daqui em diante abreviado CBE) e o Conceito Filogenético de Espécie (CFE), ainda que uma alternativa de unificá-los num único conceito – o Conceito Filético Geral de Espécie – tenha sido proposta mais recentemente (Queiroz, 1998, 2005; Sites & Marshall, 2004 – para uma revisão sobre o assunto em Português veja Aleixo, 2007). A diferença principal entre o CBE e o CFE diz respeito ao tratamento de populações diferenciadas e evolutivamente independentes, mas proximamente relacionadas, que no CFE são sempre consideradas espécies, ao passo que no CBE isso vai depender do grau de isolamento reprodutivo entre elas (Aleixo, 2007). Tipicamente, populações diferenciadas e com um histórico de evolução independente (ainda que recente) de outras populações proximamente

relacionadas filogeneticamente são automaticamente consideradas espécies distintas pelo CFE, enquanto o CBE as trata apenas como subespécies integrantes de uma única espécie politípica que congrega várias populações diferenciadas uma das outras em maior ou menor grau, mas entre as quais existe fluxo gênico efetivo ou potencial (Aleixo, 2007).

Tanto o CBE quanto o CFE já foram defendidos como representando as melhores alternativas de conceito de espécie no contexto da biologia da conservação (Collar, 1997; Peterson & Navarro-Singüenza, 1999; Meijaard & Nijman, 2003; Zink, 1997, 2004; Mace, 2004). Paralelamente a esse debate, foi desenvolvido o conceito de Unidades Evolutivas Significativas (abreviado UES), que representam espécies ou segmentos populacionais de espécies cuja preservação maximiza o potencial de sucesso evolutivo futuro destas unidades taxonômicas (Hey *et al.*, 2003). Ao contrário da discussão acadêmica em torno de conceitos alternativos de espécie, que ainda hoje se encontra bastante polarizada (Aleixo, 2007), um consenso em torno da utilidade das UES em biologia da conservação parece estar emergindo, onde elas são interpretadas como os verdadeiros alvos de ações conservacionistas que coincidem ou não com limites inter-específicos reconhecidos (Crandall *et al.*, 2000; Hey *et al.*, 2003; Mace, 2004).

Ainda assim, o debate acadêmico em torno de conceitos alternativos de espécie continua a ter uma grande importância na biologia da conservação, particularmente na fase de diagnose de espécies vulneráveis, que é sempre feita de modo comparativo dentro de um mesmo

grupo de organismos necessitando, portanto, de listas de espécies para contextos geográficos diversos, desde o nível local até o planetário (Mace, 2004). Essa etapa do ciclo de atividades da biologia da conservação, que precede àquela das ações propriamente ditas, depende completamente do trabalho de taxonomistas que são os responsáveis por definirem limites inter-específicos e produzirem listas de espécies e, em última análise, utilizarem conceitos alternativos de espécie com o CBE e o CFE (Hey *et al.*, 2003; Mace, 2004). Uma revisão com base em 89 estudos taxonômicos e evolutivos relativamente recentes (1990 - 2002) indicou que quando um mesmo conjunto de organismos é delimitado a nível específico alternativamente pelo CBE ou CFE, este último conceito reconhece em média 48,7% mais espécies que o primeiro, conseqüentemente, ocasionando um aumento também do número de espécies consideradas vulneráveis em função de distribuições geográficas e tamanhos populacionais mais reduzidos (Agapow *et al.*, 2004). Outros estudos mostraram que a alocação de áreas prioritárias para a preservação de espécies de especial interesse para a conservação também pode sofrer alterações bastante significativas em função do conceito de espécie adotado (Peterson & Navarro-Singüenza, 1999; Bates & Demos, 2001; Meijaard & Nijman, 2003). No México, o CBE reconhece 101 espécies de aves endêmicas, concentradas nas regiões montanhosas do sul e oeste do país, enquanto o CFE reconhece mais que o dobro de espécies nesta mesma categoria (249), por sua vez distribuídas principalmente nas porções oeste; essa discrepância leva à soluções em grande parte conflitantes para a maximização da conservação de espécies de aves endêmicas mexicanas, dependendo do conceito de espécie adotado (Peterson & Navarro-Singüenza, 1999; Navarro-Singüenza & Peterson, 2004).

A marcada tendência ao reconhecimento de um número maior de espécies pelo CFE em relação ao CBE foi batizada com o termo “inflação taxonômica” (Alroy, 2003; Isaac *et al.*, 2004), tendo como seus supostos efeitos deletérios, além do aumento do número de espécies consideradas vulneráveis e ameaçadas, já discutido anteriormente, as seguintes conseqüências (Agapow *et al.*, 2004):

- 1) Necessidade de aumento significativo do montante dos recursos necessários para a preservação do número adicional de espécies vulneráveis reconhecido pelo CFE, com um conseqüente ônus político associado;
- 2) A inviabilidade de se comparar listas de espécies ameaçadas entre períodos distintos, pois ao invés de refletirem tendências de aumento ou diminuição de vulnerabilidade, as mesmas refletirão apenas um

acúmulo progressivo de espécies em função de revisões taxonômicas recentes;

- 3) Um aumento exacerbado do número de espécies (inclusive as ameaçadas) pode ocasionar uma banalização do termo “espécie ameaçada” e uma conseqüente apatia por parte da opinião pública diante deste importante conceito;
- 4) Uma perda geral da credibilidade na metodologia e estratégias utilizadas na biologia conservação, com um conseqüente aprofundamento do questionamento sobre a eficiência da disciplina em atingir os objetivos a que se propõe.

Por outro lado, o uso prolongado do CBE na biologia, que somente agora começa a ser desafiado de modo mais intenso, também pode levar a conclusões equivocadas e com graves conseqüências do ponto de vista da conservação. Talvez o principal problema do CBE neste aspecto é que ele admite a existência de espécies bastante inclusivas em termos evolutivos, cujas populações podem ser tão distintas em relação a caracteres comportamentais, ecológicos, morfológicos e genéticos que as mesmas podem apresentar níveis bastante distintos de vulnerabilidade, causados por fatores igualmente distintos, que podem não ser diagnosticados quando elas são tratadas como componentes de uma única espécie (Zink, 1997, 2004; Zink *et al.*, 2000). Posto de uma outra maneira: uma mesma espécie biológica pode ter uma ou mais UES que não são diagnosticadas quando a unidade de análise é a espécie politípica ou, ainda, todas são consideradas uma entidade uniforme em bancos de dados com informações biológicas utilizados amplamente na definição de políticas de conservação em vários níveis geopolíticos (e.g., Oren, 2001).

Um contraponto frequentemente levantado em relação aos problemas do CBE mencionados acima é que o uso da categoria subespécie por este conceito corrige em grande parte essas deficiências, pois subespécies automaticamente chamam a atenção para soluções de conservação específicas para populações diferenciadas (e reconhecida como subespécie) de uma determinada espécie politípica (Mace, 2004; Haig *et al.*, 2006). Mace (2004) foi ainda mais longe ao argumentar que no momento da diagnose comparativa de espécies vulneráveis, é indiferente para uma população diferenciada de gorila, por exemplo, aparecer numa lista de táxons ameaçados como espécie filogenética ou subespécie biológica; segundo Mace (2004), a alternativa de listá-la como espécie à parte (neste caso seguindo o CFE) é redundante em relação a listar toda a espécie biológica gorila, aí incluindo automaticamente todas as suas subespécies. Segundo ela e, como argumentado acima,

existem vários inconvenientes em se “inflacionar” listas de espécies ameaçadas simplesmente elevando-se ao nível de espécie táxons de animais carismáticos antes considerados subespécies sob a argumentação que isso será benéfico para sua conservação (Mace, 2004). Independentemente de entrar no mérito dos supostos inconvenientes levantados por ela e Agapow *et al.* (2004) com relação à “inflação taxonômica” de listas de espécies ameaçadas, é indiscutível que o problema da conservação de populações diferenciadas (ou UES) depende em última análise do reconhecimento destas como entidades taxonômicas discretas, sejam elas denominadas de espécies ou subespécies. No entanto, se já existe considerável controvérsia em relação ao uso do termo espécie, e listagens que apenas incluem essa categoria já são de compilação dispendiosa em vários aspectos e circunstâncias, o problema é muito maior quando a categoria subespécie é considerada, especialmente naqueles grupos onde o CBE teve historicamente uma maior influência como a ornitologia e mastozoologia (Barrowclough & Flesness, 1996; Groves, 2001; Zink, 2004; Aleixo 2007). Neste sentido, já existe uma proposta para a compilação de listas de subespécies válidas nos diversos grupos biológicos para que a diagnose de UES vulneráveis se torne um processo mais direto e menos dependente do debate em torno de conceitos de espécie (Haig *et al.*, 2006). No entanto, é possível prever que esta proposta certamente encontrará os mais diversos entraves para sua implantação por um motivo principal bastante simples: ela simplesmente transfere para uma categoria taxonômica imediatamente inferior à de espécie a necessidade de revisão ampla da validade dos táxons descritos até hoje, o que constitui de todo modo um processo bastante lento em razão principalmente da carência de pessoal qualificado e recursos financeiros (Mace, 2004; Remsen, 2005).

Desse modo, se as unidades de trabalho da biologia da conservação são as UES, então, tanto espécies filogenéticas quanto subespécies válidas servem como entidades taxonômicas úteis nos contextos de diagnose de espécies vulneráveis e planejamento quanto de ação na biologia da conservação. Os argumentos levantados por Mace (2004) e Isaac *et al.* (2004) sobre a maior adequação do CBE com relação às atividades de planejamento na biologia da conservação (devido a sua suposta maior estabilidade) e de subespécies ou do CFE nas atividades de ação / planos de manejo estão em forte contradição com o consenso emergente na disciplina sobre a utilização das UES como unidades de análise (Crandall *et al.*, 2000; Hey *et al.*, 2003). O maior problema com o raciocínio destes autores é fazer o elo entre as UES e taxonomia apenas durante as ações

diretas da conservação, mas não durante a fase de planejamento e diagnose de vulnerabilidade. Ainda que estes sejam momentos bastante distintos no ciclo de atividades da biologia da conservação, a separação entre eles pode levar, por exemplo, à não diagnose de UES ameaçadas dentro de espécies politípicas de ampla distribuição, que no momento do planejamento necessariamente são tratadas como uma única entidade e têm seus efetivos populacionais e áreas de distribuição calculados em conjunto. Seguindo a lógica defendida por estes autores, essas UES apenas seriam consideradas na etapa de planejamento e diagnose de vulnerabilidade se os seus parâmetros populacionais e áreas de distribuição somados (correspondentes ao de toda a espécie biológica) fossem reduzidos o suficiente para se encaixarem nos critérios de ameaça rotineiramente utilizados em compilações de listas de espécies ameaçadas (e.g., IUCN 2007). Portanto, se o grau de vulnerabilidade de UES não é avaliado logo na etapa de planejamento da conservação, é possível que quando uma determinada espécie biológica venha a ser listada como ameaçada, o estado de conservação de pelo menos algumas de suas UES já esteja irreversivelmente comprometido, o que não aconteceria caso as mesmas fossem monitoradas separadamente antes de qualquer ação conservacionista. Consequentemente, o poder de detecção de UES vulneráveis por parte do CBE é bem inferior àquele do CFE, ou, para dissociar esta conclusão do debate em torno de conceitos de espécie, daquele onde subespécies funcionais (equivalente a espécies filogenéticas) são consideradas desde o início na etapa de planejamento em biologia da conservação.

Um exemplo prático pode ser dado com relação à lista mais recente de espécies ameaçadas do Brasil; nela, ainda no momento do planejamento e diagnose de táxons ameaçados foram avaliadas subespécies consideradas significativamente diferenciadas, particularmente naqueles grupos onde elas são mais numerosas como em lepidópteros, aves e mamíferos (IBAMA, 2003). Um dos resultados mais importantes foi a constatação de que no setor mais devastado da Amazônia brasileira (o denominado Centro de Endemismo Belém, ver Silva *et al.*, 2005), 9 subespécies de aves correspondem a UES correndo um sério risco de extinção (IBAMA, 2003), o que não teria sido revelado caso a unidade de análise tivesse sido a espécie biológica como um todo incluindo estes táxons, uma vez que em todos os casos, elas são amplamente distribuídas e com grandes efetivos populacionais em toda a Amazônia. A concentração de tantos táxons (correspondentes a UES) endêmicos nesta região da Amazônia chamou a atenção para o fato de que ela é uma das menos protegidas por unidades de

conservação em todo o bioma, tornando-a automaticamente um alvo prioritário para a implantação de novas unidades (Silva *et al.*, 2005).

Conceitualmente, ao se focar em UES em biologia da conservação, é inevitável a necessidade de se lidar com “inflação taxonômica”, seja na “roupagem” de espécies ou subespécies. Consequentemente, a maior inconsistência no raciocínio de Isaac *et al.*, (2004) e Mace (2004) é, ao mesmo tempo, combater a “inflação taxonômica”, mas defender o uso de populações / subespécies / espécies filogenéticas como norteadores de ações e manejo em biologia da conservação, justamente na etapa onde mais enfaticamente a maior parte dos supostos inconvenientes do termo listados por estes mesmos autores se aplicam (ver acima), haja vista o fato que as atividades de planejamento tendem a ocorrer bem mais longe do grande público do que etapa de implantação das ações.

Portanto, a base do problema da incerteza taxonômica em biologia da conservação reside na demanda urgente da disciplina por UES definidas consistentemente por uma taxonomia que reflita a história evolutiva dos diferentes grupos biológicos, independentemente da hierarquia. No entanto, conceitos de espécie que mais se aproximam da definição de UES claramente são mais úteis no contexto da biologia da conservação do que outros, conforme discutido abaixo.

UMA PROPOSTA DE UNIFICAÇÃO ENTRE CONCEITOS DE ESPÉCIE E SUA RELAÇÃO COM UNIDADES EVOLUTIVAS SIGNIFICATIVAS (UES)

Uma proposta recente de integração entre o CBE, CFE e outros conceitos de espécie propostos na biologia (de Queiroz, 1998, 2005) incorpora de modo bastante consistente o espectro de definições já propostas para UES, consideradas tão importantes em biologia da conservação (Crandall *et al.*, 2000; Pearman, 2001; Hey *et al.*, 2003). Uma distinção terminológica importante introduzida por de Queiroz (1998) é aquela entre “conceito” e “critério” de espécie. Segundo Queiroz (1998), todos os “conceitos” de espécie propostos até então são variações de um único conceito de espécie, uma vez que todos eles explícita ou implicitamente consideram espécies segmentos de linhagens evolutivas de nível populacional (não no sentido de uma comunidade reprodutiva como entende o CBE, mas apenas no sentido de um nível de organização evolutiva imediatamente acima do indivíduo). As diferenças conceituais que marcam as distinções entre “conceitos” de espécie, como o CBE e CFE, dizem respeito apenas à ênfase que cada um

deles coloca em diferentes fenômenos que acompanham o processo de cladogênese, não consistindo, contudo, num conflito com relação ao tipo de entidade ao qual eles se referem como “espécie”. Portanto, ao invés de “conceitos” de espécie, Queiroz (1998) advoga que o CBE e CFE, por exemplo, constituem unicamente critérios distintos e alternativos para a definição de espécie dentro de um mesmo conceito unificado de espécie, batizado por ele de Conceito Filético Geral de Espécie (tradução livre de General Lineage Species Concept), abreviado daqui em diante CFGE. A chave para entender a nova terminologia proposta por Queiroz (1998) é considerar o extenso componente temporal do processo de cladogênese, que no nível micro-evolutivo se inicia com a diferenciação (num primeiro momento ainda incipiente) entre duas populações irmãs, culminando com a produção de espécies cujos genomas não mais possuem a capacidade de se misturar, passando por pelo menos quatro estágios principais (Aleixo, 2007). Portanto, critérios de espécies como o CBE e CFE simplesmente procuram “domesticar” o processo de cladogênese, compartimentalizando-o com a finalidade operacional de definir limites entre linhagens de acordo com uma determinada interpretação de limites inter-específicos. Assim, em função da natureza temporal contínua do processo de cladogênese, a definição de limites inter-específicos será sempre arbitrária, independentemente do critério adotado.

Ao admitir explicitamente a arbitrariedade no processo de delimitação de espécies, o CFGE as compartimentaliza dentro do processo maior de cladogênese como metapopulações (populações diferenciadas) de organismos com uma trajetória evolutiva independente de outras metapopulações (Queiroz 1998, 2005), em clara concordância com o cerne do conceito de UES (Moritz, 1994; Crandall *et al.*, 2000; Pearman, 2001; Hey *et al.*, 2003). Assim, o CFGE tem essencialmente dois critérios claros e objetivos para considerar uma determinada população como espécie independente (Queiroz, 1998): diagnose em relação a outras populações (preenchendo a condição de metapopulação) e monofilia em relação a outras populações (preenchendo o critério de evolução independente). Indiscutivelmente, o CFGE pode ser considerado uma visão “filogenética” de espécie (ver Isaac *et al.*, 2004), se diferindo, no entanto, das definições mais utilizadas do CFE pelo fato de empregar na sua delimitação de espécie apenas aqueles caracteres que fazem a diagnose ao nível metapopulacional, ou seja, num nível logo acima do indivíduo, conferindo um rigor conceitual ao CFGE num ponto onde existe grande ambiguidade no CFE (Johnson *et al.*, 1999; Aleixo, 2007).

O entendimento por parte de biólogos evolucionistas e conservacionistas que a diversidade filética (metapopulacional) é a célula de preservação mais básica em biologia da conservação, implica que os conceitos de espécie mais úteis nesta disciplina serão justamente aqueles que resgatam mais prontamente a equivalência entre UES e “espécies”, como o CFE ou a “segunda geração” de conceitos filogenéticos como o CFGE. É verdade que o CBE também pode acomodar a perspectiva metapopulacional de conservação através da categoria taxonômica subespécie, mas é preciso destacar três motivos principais pelos quais a adoção do CBE e suas subespécies não convém no contexto da biologia da conservação:

- 1) O tratamento de metapopulações em trajetórias evolutivas independentes (que constituem automaticamente UES) como subespécies, confunde ou mesmo minimiza perante a opinião pública sua importância como alvos para a conservação, o que não aconteceria caso as mesmas fossem tratadas explicitamente como espécies distintas (Zink, 2004). Indiscutivelmente, o apelo heurístico da palavra espécie é bem maior para a esmagadora maioria da população humana (e em especial os tomadores de decisão) do que subespécie, uma unidade taxonômica até agora considerada de baixa prioridade para a inclusão em bancos de dados utilizados no planejamento da conservação (Haiget *et al.*, 2006), em grande parte também devido à imprecisão quanto à sua definição (Aleixo, 2007).
- 2) Como já demonstrado acima e ao contrário do que já foi proposto explicitamente (Isaac *et al.*, 2004; Mace, 2004), espécies biológicas politípicas (geralmente bastante inclusivas evolutivamente) não constituem a melhor unidade de análise na etapa do planejamento da conservação se, na fase imediatamente seguinte, se pretende focar as ações no nível metapopulacional (em UES). O grande risco neste caso é não detectar metapopulações ameaçadas de espécies politípicas de ampla distribuição e grandes efetivos populacionais, que têm seu estado de ameaça “mascarado” pelo conjunto de metapopulações (ou subespécies) que integram a espécie biológica como um todo. Uma vez não identificadas na etapa de planejamento, estas metapopulações (ou UES) não serão obviamente alvos de ações conservacionistas em tempo hábil, num claro prejuízo para a reversão do seu estado de ameaça. Uma alternativa seria considerar subespécies separadas ao invés de espécies politípicas como as unidades de análise (ver Haig *et al.*, 2006), mas como já mencionado acima, essa proposta é de difícil implantação e depende de amplas revisões taxonômicas

equivalentes em escopo àquelas necessárias para se diagnosticar espécies filogenéticas dentro de espécies politípicas.

- 3) O CBE (com suas espécies politípicas) é na verdade um conceito utilizado sistematicamente apenas para uma minoria dos grupos taxonômicos, notadamente aves e mamíferos (Hershkovitz, 1977; Watson, 2005; Aleixo, 2007). Em outros grupos de vertebrados como anfíbios, peixes e répteis, o conceito de subespécie é utilizado de forma bastante esporádica, o mesmo acontecendo com invertebrados (exceto borboletas) e plantas (Barrowclough & Flesness, 1996; Zink, 1997; Watson, 2005; Haig *et al.*, 2006). Portanto, num contexto de revisão taxonômica ampla com vistas a diagnosticar espécies ou subespécies válidas a serem consideradas como UES, é muito mais lógico a não utilização do CBE e de espécies politípicas, sendo mais justificável a adoção dos conceitos filogenéticos (*sensu* Isaac *et al.*, 2004) que são, ao mesmo tempo, consistentes com a definição de espécies na maior parte dos grupos biológicos e com o conceito de UES (Zink, 1997; Hey *et al.*, 2003; Watson, 2005; Aleixo 2007).

Sem dúvida alguma, a aparente estabilidade de espécies biológicas, aspecto este tão propalado dentro da biologia da conservação por alguns autores (Isaac *et al.*, 2004; Mace, 2004), é na verdade apenas aparente e explicada pelo fato dos principais grupos nos quais o CBE foi aplicado (aves e mamíferos) serem, ao mesmo tempo, os mais bem estudados taxonomicamente, os historicamente mais ligados ao estudo de processos evolutivos e os mais “carismáticos” junto ao grande público, exercendo, portanto, uma influência desproporcional na biologia como um todo. É importante lembrar que mesmo nestes grupos, antes da síntese evolutiva (Mayr, 1942), boa parte dos táxons hoje considerados subespécies eram tratados como espécies; posteriormente, estes mesmos táxons foram agrupados dentro de espécies biológicas criadas através de revisões taxonômicas sumárias, na grande maioria das vezes sem qualquer tipo de análise formal de caracteres, particularmente para grupos das regiões tropicais (Aleixo, 2007). Atualmente, ornitólogos e mastozoólogos estão gastando um tempo considerável revisando limites inter-específicos de espécies biológicas politípicas delimitadas de uma maneira tão precária, na maior parte das vezes chegando à conclusão que “novas” espécies devem ser desmembradas daquelas espécies biológicas politípicas “estáveis” (delimitadas há mais de 30 ou 40 anos), mesmo quando o próprio CBE é utilizado à luz de uma análise formal de caracteres (Groves, 2001; Aleixo, 2007). Ou seja, parte significativa da “inflação

taxonômica” alardeada por vários autores (Alroy, 2003; Isaac *et al.*, 2004; Mace, 2004) independe da questão do conceito de espécie adotado, estando intimamente relacionada à revisão de espécies politípicas através de tecnologias e um rigor científico não empregados quando elas foram delimitadas entre as décadas de 1940 e 1980 (Aleixo, 2007).

Um dos principais avanços do CFGE foi explicitamente admitir e propalar o caráter subjetivo da atribuição de limites específicos inerente ao processo de revisão taxonômica. Neste sentido, espécies passaram a não ter uma definição absoluta, podendo ser delimitadas de modo alternativo ao longo do processo de cladogênese, dependendo da pergunta ou enfoque científico de interesse (Queiroz, 2005). Assim, o foco da biologia da conservação em UES demanda uma definição prática de espécies com o objetivo de maximizar o reconhecimento e legitimidade taxonômica destes alvos, o que é plenamente consistente com a definição arbitrária de espécies fornecida pelo CFGE: metapopulações diferenciadas em trajetórias evolutivas distintas (Queiroz, 2005; Aleixo, 2007). Neste sentido, levando em consideração os avanços conceituais introduzidos pelo CFGE, uma agenda de trabalho comum entre taxonomistas e conservacionistas é proposta abaixo.

TAXONOMIA E BIOLOGIA DA CONSERVAÇÃO: PROPOSTA DE UMA AGENDA DE TRABALHO

O entendimento que a biologia da conservação depende da taxonomia para uma definição ao mesmo tempo objetiva, pragmática e cientificamente correta de UES abre um grande campo de interação entre estas disciplinas. A nova perspectiva de integração de diferentes conceitos de espécie oferecida pelo CFGE abre uma possibilidade de solução para o até então intenso e controverso debate sobre conceitos de espécie (Sites & Marshall, 2004; Queiroz, 2005); ao mesmo tempo, biólogos conservacionistas chegam a um consenso sobre a utilidade de UES e como elas devem ser definidas em termos evolutivos (Hey *et al.*, 2003). Uma grande oportunidade de integração entre taxonomia e biologia da conservação surge da necessidade de revisão ampla da validade de uma grande quantidade de táxons descritos até hoje, algo que deve ser alcançado para o reconhecimento efetivo de UES reais, evitando-se a possibilidade de que elas representem puros artefatos taxonômicos. Neste sentido, como já argumentado anteriormente, pouco importa se UES sejam equivalentes a subespécies válidas ou espécies filogenéticas; o fato é que o foco

essencial deve ser na validade taxonômica de entidades correspondentes a UES.

Biólogos conservacionistas e agências governamentais de proteção ambiental necessitam de listas consensuais de táxons válidos compiladas por especialistas (seja na denominação de espécies ou subespécies, ambas equivalentes a UES) para o planejamento e execução de políticas de conservação (Haig *et al.*, 2006), o que valoriza sobremaneira o papel do taxonomista nestas atividades. Por outro lado, essa demanda exige dos taxonomistas uma profunda reflexão sobre a natureza inerentemente arbitrária do processo de delimitação de espécies e, portanto, também sobre a necessidade de se adotar critérios explícitos para este fim consistentes com o enfoque conservacionista de espécie. Neste sentido, a demanda conservacionista pode ser um estímulo sem precedentes para a concretização da hercúlea tarefa de revisar amplamente a validade de diversos táxons nos diferentes grupos biológicos a partir de critérios explícitos e divulgação destes resultados num formato padronizado.

Ao curto prazo, uma iniciativa extremamente importante é a consolidação de listas taxonômicas consensuais para os diferentes grupos biológicos ao nível nacional. Estas listas, além de consistirem num grande avanço por sintetizarem a informação sobre a diversidade conhecida de um determinado grupo de organismos no país, oferecem um ponto de partida para a diagnose de problemas taxonômicos ainda não abordados, permitindo inclusive traçar uma estratégia e o desenvolvimento de metas para o preenchimento destas lacunas. As diversas sociedades científicas nacionais especializadas em grupos zoológicos, botânicos e microbiológicos têm um papel fundamental nesta iniciativa, pois elas congregam profissionais com a especialidade necessária e uma massa crítica para a discussão destes consensos taxonômicos.

Um exemplo já em avançado processo de consolidação é a Lista de Aves do Brasil, publicada pelo Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos (CBRO) da Sociedade Brasileira de Ornitologia (SBO) desde 2005 (CBRO 2007). Mais recentemente, os critérios de delimitação inter-específica adotados pelo comitê na consolidação da lista foram apresentados por Aleixo (2007); nesta publicação também foram discutidos critérios operacionais para aplicação do “conceito” de espécie escolhido (neste caso o CFGE), com a consequente discussão de níveis mínimos de diagnose e modos de verificação da monofilia recíproca entre populações nos diferentes contextos geográficos do processo de cladogênese (Aleixo, 2007). Na sua presente versão, a Lista de Aves do Brasil está

ainda longe de ter todas suas espécies consistentes com os limites inter-específicos propostos pelo CFGE e com o conceito de UES (CBRO 2007), mas as fundações para que isso aconteça no futuro já existem. O processo é necessariamente lento porque os critérios só são aplicados a casos já estudados e publicados em periódicos científicos, ou seja, ele depende completamente do fluxo de revisões taxonômicas publicadas, que podem demorar vários anos para se concretizar. Alternativas mais expeditas como aquela adotada para aves do México, por exemplo, fornecem resultados mais imediatos (Navarro-Singüenza & Peterson, 2004), mas esbarram na questão do rigor metodológico (Remsen, 2005). Ou seja, não existe uma solução fácil e o processo de integração entre taxonomia e conservação deve necessariamente ser encarado como um investimento de longo prazo, onde o processo de aprimoramento progressivo das listas só poderá ocorrer se a agenda de trabalho conjunta tiver início desde já. A idéia que existem definições de espécie (como o CBE) que contém um menor nível de incerteza taxonômica e que, portanto, são mais estáveis e úteis para a sua utilização pela biologia da conservação no planejamento de longo prazo (ver Isaac *et al.*, 2004; Mace, 2004) é completamente ilusória, como já discutido anteriormente. Incerteza taxonômica só pode ser removida com revisões taxonômicas, que por sua vez devem ser orientadas por critérios explícitos acordados por especialistas.

Assim, uma agenda de trabalho poderia ser iniciada com a consolidação de listas de táxons válidos por sociedades zoológicas, botânicas e microbiológicas brasileiras para seus respectivos grupos biológicos de interesse, nos moldes do que já foi feito para aves pelo CBRO/SBO (Aleixo, 2007; CBRO, 2007). O conceito de espécie utilizado por cada uma destas sociedades pode variar, embora se sugira a utilização do CFGE em razão das suas várias vantagens já discutidas ao longo deste artigo. No entanto, o essencial é que, caso se opte alternativamente pela adoção do CBE, também sejam compiladas listas consensuais de subespécies válidas ou funcionais (sensu Barrowclough, 1982), ou seja, cuja validade taxonômica possa ser comprovada ou, no mínimo, razoavelmente assegurada pela comunidade de especialistas (Haig *et al.*, 2006). O foco do trabalho será listar entidades taxonômicas válidas que possam ser imediatamente interpretadas como UES e, portanto, utilizadas prontamente nas etapas de planejamento e ações em prol da conservação da biodiversidade por parte da sociedade civil organizada e entidades governamentais (Hey *et al.*, 2003).

Num segundo momento, a agenda teria que ser ampliada para o refinamento contínuo das listas produzidas

através da incorporação periódica dos resultados de revisões taxonômicas e também da geração de demandas por estudos taxonômicos considerados prioritários, ou seja, focados naqueles casos mais controversos ou mal resolvidos. Neste momento, a participação da comunidade de especialistas representada pelas sociedades científicas também será essencial.

Para a concretização destas metas bastante ambiciosas, é necessário antes de tudo que tanto organizações não-governamentais (ONGs) conservacionistas quanto agências governamentais de proteção ambiental e fomento científico efetivamente compreendam a importância chave desempenhada pela taxonomia na biologia da conservação e estejam dispostas a investir recursos (cobrando resultados práticos) em revisões taxonômicas e na formação e ampliação do quadro de taxonomistas atuando no país. Várias estratégias neste sentido, particularmente no que concerne à esfera governamental ambiental e científica, já foram amplamente discutidas e propostas pelas sociedades científicas zoológicas brasileiras com o intuito de criar um forte programa nacional de pesquisa em taxonomia (Marinoni *et al.*, 2006). ONGs conservacionistas poderiam contribuir através de fundos específicos que apoiassem financeiramente estudos taxonômicos e a formação de taxonomistas nos moldes do programa “Beca”, coordenado pelo Instituto Internacional de Educação do Brasil – IEB (<http://www.ieb.org.br>) e apoiado por várias fundações.

O produto desta parceria seria, ainda que ao longo prazo, a consolidação de listas de táxons válidos que podem ser interpretados alternativamente como espécies biológicas, espécies filogenéticas, subespécies ou UES, dependendo do contexto enfocado. Se isso estiver disponível para os vários grupos biológicos finalmente será possível remover o efeito da incerteza taxonômica que tanto aflige não apenas a biologia da conservação, mas as ciências biológicas como um todo (Hey *et al.*, 2003; Agapow *et al.*, 2004; Balakrishnan, 2005).

AGRADECIMENTOS

Sou especialmente grato a José Maria Cardoso da Silva e José Alexandre Diniz Filho pelos convites para participar do XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia e escrever este artigo. As idéias aqui contidas e discutidas resultaram de um longo período de interação e debate com vários colegas no Brasil e EUA, durante o qual fui bolsista do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq – auxílios nº 200099/97-3 e 35.0415/2004-8).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agapow, P.-M., O.R.P. Bininda-Emonds, K. Crandall, J.L. Gittleman, G.M. Mace, J.C. Marshall & A. Purvis. 2004. The impact of species concept on biodiversity studies. *The Quarterly Review of Biology* 79: 161-179.
- Aleixo, A. 2007. Conceitos de espécie e o eterno conflito entre continuidade e operacionalidade: uma proposta de normatização de critérios para o reconhecimento de espécies pelo Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos. *Revista Brasileira de Ornitologia* 15: 229-242.
- Alroy, J. 2003. Taxonomic inflation and body mass distributions in North American fossil mammals. *Journal of Mammalogy* 84: 431-443.
- Balakrishnan, R. 2005. Species concepts, species boundaries and species identification: a view from the tropics. *Systematic Biology* 54: 689-693.
- Barrowclough, G.F. 1982. Geographic variation, predictiveness, and subspecies. *The Auk* 99: 601-603.
- Barrowclough, G.F. & N.R. Flesness. 1996. Species, subspecies, and races: the problem of units of management in conservation. In: D.G. Kleiman, M. Allen, K. Thompson & S. Lumpkin (eds). *Wild animals in captivity: principles and techniques*. pp 247-254. Chicago University Press, Chicago, EUA.
- Bates, J.M. & T.C. Demos. 2001. Do we need to devalue Amazonia and other large tropical forests? *Diversity and Distributions* 7: 249-255.
- CBRO. 2007. Lista das Aves do Brasil. 6ª Edição (16 de agosto de 2007). Comitê Brasileiro de Registros Ornitológicos, Sociedade Brasileira de Ornitologia. <http://www.cbro.org.br> (acesso em 8/01/2008).
- Collar, N.J. 1997. Taxonomy and conservation: chicken and egg. *Bulletin of the British Ornithological Club* 117: 122-136.
- Crandall, K.A., O.R.P. Bininda-Emonds, G.M. Mace & R.K. Wayne. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution* 15: 290-295.
- Groves, C.P. 2001. *Primate taxonomy*. Smithsonian Series in Comparative Evolutionary Biology. Smithsonian Institution Press, Washington, D.C., EUA.
- Haig, S.M., E.A. Beever, S.M. Chambers, H.M. Draheim, B.D. Dugger, S. Dunham, E. Elliott-Smith, J.B. Fontaine, D.C. Kesler, B.J. Knaus, I.F. Lopes, P. Loschl, T.D. Mullins & L.M. Sheffield. 2006. Taxonomic considerations in listing subspecies under the U.S. Endangered Species Act. *Conservation Biology* 20: 1584-1594.
- Hershkovitz, P. 1977. *Living new world monkeys (Platyrrhini), with an introduction to primates*. Chicago University Press, Chicago, EUA.
- Hey, J., R.S. Waples, M.L. Arnold, R.K. Butlin & R.G. Harrison. 2003. Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 597-603.
- IBAMA (Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis). 2003. Lista nacional da fauna brasileira ameaçada de extinção. <http://www.mma.gov.br/port/sbf/fauna/index.cfm> (acesso em 7/01/2008).
- Isaac, N.J.B., J. Mallet & G. M. Mace. 2004. Taxonomic inflation: its influence on macroecology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 19: 464-469.
- IUCN. 2007. *IUCN Red List of Threatened Species: a global species assessment*. IUCN Publications Services Unit, Cambridge, Reino Unido.
- Johnson, N.K., J.V. Remsen Jr. & C. Cicero. 1999. Resolution of the debate over species concepts in ornithology: a new comprehensive biologic species concept. In: N.J. Adams & R.H. Slotow (eds). *Proceedings of the 22nd International Ornithological Congress*. pp 1470-1482. BirdLife South Africa, Durban & Johannesburg, África do Sul.
- Mace, G.M. 2004. The role of taxonomy in species conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B* 359: 711-719.
- Mayr, E. 1942. *Systematics and the origin of species*. Columbia University Press, New York, EUA.
- Marinoni, L., C. Magalhães & A.C. Marques. 2006. Propostas de estratégias e ações para a consolidação das coleções zoológicas brasileiras. In: A.L. Peixoto, M.R. de V. Barbosa, M. Menezes & L.C. Maia (eds). *Diretrizes e estratégias para a modernização de coleções biológicas brasileiras e a consolidação de sistemas integrados de informação sobre biodiversidade*. pp 183-211. Centro de Gestão e estudos estratégicos, Ministério da Ciência e Tecnologia, Brasília, Brasil.
- Meijaard, E. & V. Nijman. 2003. Primate hotspots in Borneo: predictive value for general biodiversity and the effects of taxonomy. *Conservation Biology* 17: 725-732.
- Moritz, C. 1994. Defining "evolutionary significant units" for conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 9: 373-375.
- Navarro-Sigüenza, A.G. & A.T. Peterson. 2004. An alternative species taxonomy of the birds of Mexico. *Biota Neotropica* 4: 1-13.
- Oren, D.C. 2001. Biogeografia e conservação de aves na região Amazônica. In: J.P.R. Capobianco, A. Veríssimo, A. Moreira, D. Sawyer, I. Santos & L.P. Pinto (eds). *Biodiversidade na Amazônia brasileira: avaliação e ações prioritárias para a conservação, uso sustentável e repartição de benefícios*. pp 97-109. Estação Liberdade e Instituto Socioambiental, São Paulo, Brasil.
- Pearman, P.B. 2001. Conservation value of independently evolving units: sacred cow or testable hypothesis? *Conservation Biology* 15: 780-783.
- Peterson, A.T. & A.G. Navarro-Sigüenza. 1999. Alternative species concepts as bases for determining priority conservation areas. *Conservation Biology* 13: 427-431.
- Queiroz, K. 2005. Ernst Mayr and the modern concept of species. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 102: 6600-6607.
- Queiroz, K. 1998. The general lineage concept of species, species criteria, and the process of speciation: a conceptual unification and terminological recommendations. In: D.J. Howard & S.H. Berlocher (eds). *Endless forms: species and speciation*. pp. 57-75. Oxford University Press, Oxford, Reino Unido.
- Remsen, J.V. 2005. Pattern, process, and rigor meet classification. *The Auk* 122: 403-413.
- Silva, J.M.C., A.B. Rylands & G.A.B. da Fonseca. 2005. O destino das áreas de endemismo da Amazônia. *Megadiversidade* 1: 124-131.
- Sites Jr., J.W. & J.C. Marshall. 2004. Operational criteria for delimiting species. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 35: 199-277.
- Watson, D.M. 2005. Diagnosable versus distinct: evaluating species limits in birds. *BioScience* 55: 60-68.
- Zink, R.M. 1997. Species concepts. *Bulletin of the British Ornithological Club* 117: 97-109.
- Zink, R.M. 2004. The role of subspecies in obscuring avian biological diversity and misleading conservation policy. *Proceedings of the Royal Society of London, series B* 271: 561-564.
- Zink, R.M., G.F. Barrowclough, J.L. Atwood & R.C. Blackwell-Rago. 2000. Genetics, taxonomy, and conservation of the threatened California Gnatcatcher. *Conservation Biology* 14: 1394-1405.

Filogeografia e a descrição da diversidade genética da fauna brasileira

CRISTINA YUMI MIYAKI

Departamento de Genética e Biologia Evolutiva, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil.
e-mail: cymiyaki@ib.usp.br

RESUMO

A filogeografia pode ser definida como o estudo dos princípios e dos processos que delineiam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas. As análises filogeográficas se baseiam na caracterização das relações filogenéticas de grupos de organismos e, com sua comparação se buscam padrões gerais. Esses dados podem auxiliar a embasar planos de conservação de organismos e de áreas que os abrigam. Os estudos filogeográficos da fauna brasileira ainda são escassos face à diversidade, mas alguns padrões gerais podem ser citados para vertebrados terrestres: (1) Há uma grande diversidade sendo revelada por dados genéticos, com a descrição de linhagens desconhecidas ou pouco estudadas. Em alguns casos há concordância com dados independentes (ex. morfologia); (2) Os dois grandes biomas florestais (florestas amazônica e atlântica) possuem histórias complexas: alguns organismos (pequenos mamíferos, aves e lagartos) que ocorrem nesses biomas não formam linhagens reciprocamente monofiléticas, mas em outros casos há congruência entre linhagens e biomas; (3) Dentro da Mata Atlântica há diferenciação entre grupos do norte e ao sul. No entanto, o limite das linhagens varia: em alguns casos (lagarto e pequenos mamíferos) o limite se encontra próximo ao rio Doce e em outros casos (lagarto e aves), no ou próximo ao vale do rio Paraíba do Sul. Isso não indica obrigatoriamente que esses rios sejam barreiras ao fluxo desses organismos; (4) Ainda dentro da Mata Atlântica, lagartos e anfíbios de matas de brejos mostram diversificação significativa em relação a outros grupos. Isso reforça a importância da conservação dessas áreas; (5) Em relação ao fator temporal, grande parte da diversificação intra-genérica parece ter ocorrido antes do Pleistoceno e boa parte da diversificação intra-específica parece se concentrar no Pleistoceno. No entanto, como provavelmente ainda haja muitas novas linhagens a serem descritas, esses padrões gerais podem ser revistos.

ABSTRACT

Phylogeography is the study of the principles and processes that govern the geographic distribution of genetic lineages. The analyses are based on the description of phylogenies of groups of organisms and, through their comparison, general patterns are described. This data may help to plan conservation actions for organisms and their occurrence areas. The studies of Brazilian fauna are scarce and still do not represent our megadiversity, but some general patterns can be identified for terrestrial vertebrates: (1) A great hidden diversity is being revealed by genetic analyses, unknown

or poorly known lineages are being described. In some cases there is congruence with independent data (e.g. morphology); (2) The two largest forest domains (Amazon and Atlantic forests) show complex histories: some organisms that occur in these biomes (small mammals, birds and lizards) do not present reciprocally monophyletic lineages, but in other taxa there is congruence between lineages and biomes; (3) Within the Atlantic forest, there is latitudinal differentiation. The localization of this break varies: in some cases (lizard and small mammals) it is close to the Doce river and in other cases (lizard and birds), it is at or close to the valley of the Paraíba do Sul river. This does not mean that these rivers are barriers to these organisms; (4) Also within the Atlantic forest, lizards and amphibians from “brejos” are distinct from other groups. This reinforces the importance of conservation of these areas; (5) In general, the majority of species diversification seem to have occurred before the Pleistocene, while the intra-specific diversification occurred within this period. However, as there are more new lineages to be described, these general patterns may have to be revised.

INTRODUÇÃO

A diversidade de fauna animal no Brasil é ainda mal conhecida. Mesmo em grupos de organismos relativamente bem estudados como mamíferos e aves, ainda há espécies sendo descritas. Tradicionalmente, esses estudos de descrição se baseiam em dados morfológicos. Quando se adiciona informação genética, esse cenário se torna ainda mais interessante, pois podemos encontrar linhagens evolutivas (algumas correspondentes a novas espécies) que dificilmente seriam descritas baseados em outros tipos de dados (ver Aleixo, neste volume). Em outras palavras, a diversidade genética nem sempre acompanha a diversidade morfológica. Daí a importância de, sempre que possível, usar várias informações independentes para estudar a diversidade nas suas diversas formas e níveis. Somente com essa integração poderemos compreender como e quando essa diversidade surgiu e se manteve.

Dentro desse contexto, a filogeografia é uma área que integra dados genéticos com a geografia e pode ser definida como o estudo dos princípios e dos processos que delineiam a distribuição geográfica de linhagens genealógicas (Avice, 1994). Inicialmente são estabelecidas as relações filogenéticas de um grupo de organismos, vamos imaginar o caso de indivíduos de uma mesma espécie que ocorre em todo o território nacional. Essa reconstrução das relações pode ser feita utilizando, por exemplo, sequências de DNA de um determinado gene. Em seguida é avaliado se há agrupamentos e se estes são compostos de indivíduos que ocorrem em uma mesma área geográfica. Também se avalia se grupos de indivíduos com relações mais próximas ocorrem em áreas mais próximas. Ou seja,

busca-se avaliar se há congruência entre linhagens genéticas e sua distribuição espacial. Em um passo seguinte, é interessante estudar outros grupos de organismos que apresentam a mesma ou semelhante distribuição geográfica e comparar os resultados, buscando possíveis padrões gerais. Essas análises podem ser realizadas em vários níveis taxonômicos e trazem dados relevantes para a biogeografia histórica. Um outro ponto importante é que alguns dados genéticos permitem estimar o tempo de divergência entre linhagens; assim, conhecendo onde e quando a divergência ocorreu, é possível tentar associar dados de geologia, clima, palinologia e tantos outros, para buscar entender melhor como a diversificação das linhagens ocorre.

Em relação à conservação, os dados filogeográficos podem ser utilizados na identificação de linhagens antes não-conhecidas e que, dependendo da pressão por elas sofrida e dos seus tamanhos populacionais, podem estar muito ameaçadas (ver Aleixo, este volume). Além disso, caso haja um padrão geral de distribuição geográfica das linhagens, é possível identificar áreas que podem ser importantes para a conservação. É importante ressaltar que tais decisões não devem ser tomadas somente baseadas em dados de filogeografia, mas em um conjunto de informações e com especialistas de várias áreas.

A seguir, discutimos alguns pontos gerais que as análises filogeográficas de animais terrestres que ocorrem no Brasil têm indicado e, para tanto, citamos alguns estudos como exemplos. Certamente há vários outros trabalhos que também ilustrariam de forma adequada os problemas abordados, mas o presente texto não tem a pretensão de fornecer uma revisão exhaustiva sobre o tema.

Vamos discutir como estudos de filogeografia (e, em alguns casos, estudos de filogenia) têm auxiliado na avaliação de quatro questões gerais: 1) há táxons ainda não descritos?, 2) os organismos podem ajudar a compreender a história dos biomas?, 3) o que a análise mais detalhada de organismos que habitam um bioma pode revelar? e 4) há um padrão geral de quando as diversificações ocorreram?

GRANDE DIVERSIDADE CRÍPTICA

As análises genéticas moleculares têm revelado linhagens desconhecidas ou ainda pouco estudadas. Exemplos são encontrados em vários grupos de animais. Dentre os pequenos mamíferos, um estudo genético revelou a existência de uma possível nova espécie no gênero de marsupial *Micoureus* do leste da Amazônia (Costa, 2003). A linhagem correspondente a essa nova espécie se encontra em uma politomia com as demais quatro espécies que ocorrem em praticamente todo Brasil, não tendo sido possível definir qual a espécie irmã. Já a comparação de indivíduos do pequeno lagarto *Gymnodactylus darwini* ao longo de sua distribuição na Mata Atlântica revelou três linhagens (Pellegrino *et al.*, 2005a): uma associada a indivíduos amostrados nos estados de São Paulo e do Espírito Santo e com cariótipo com $2n=38$ cromossomos e as outras duas linhagens que ocorrem no nordeste e que possuem $2n=40$ cromossomos. Esses dados levaram os autores a propor que *G. darwini* seja composta de duas espécies. Em aves podemos citar o caso de *Xiphorhynchus fuscus fuscus* (Dendrocolaptidae) que ocorre no sul da Floresta Atlântica e que apresenta duas linhagens associadas às áreas de distribuições: uma mais ao norte e outra mais ao sul do vale do rio Paraíba do Sul (Cabanne *et al.*, 2007). Essa diferenciação genética é congruente com a diferenciação morfológica entre os dois grupos (Albuquerque, 1996) e, portanto, merece ser reconhecida. No entanto, nesse caso o nível de diferenciação das linhagens seria compatível com uma variação intra-específica.

Linhagens ou táxons revelados por estudos genéticos e congruentes com outros dados independentes podem merecer atenção em relação à sua conservação. Pois, por exemplo, podem ter pequeno tamanho populacional (que certamente se reduz devido à sua separação do grupo original) ou sua distribuição pode coincidir com áreas especialmente degradadas. Assim, tais dados podem ajudar a alocar esforços na conservação desses organismos e de seus habitats.

COMPLEXIDADE DOS BIOMAS

Ao inferir a história dos organismos podemos começar a avaliar a complexidade da história dos biomas onde ocorrem. Como a diversidade de organismos encontrada na região neotropical ainda é pouco conhecida, os padrões precisam ser descritos antes de podermos compreender os processos envolvidos. No entanto, o cenário atual do conhecimento sugere que os dois grandes biomas florestais da região neotropical, as Florestas Amazônica e Atlântica, parecem ter histórias bastante complexas. Alguns organismos que ocorrem em ambas as formações se agrupam em linhagens reciprocamente monofiléticas enquanto outros grupos não formam um clado.

A análise comparativa de 11 táxons monofiléticos de pequenos mamíferos florestais (roedores e marsupiais; Costa, 2003) ilustra bem esse cenário. Dentre os 11, não foi possível estabelecer as relações entre linhagens de quatro táxons, para um (*Phyllander*) todas as linhagens da Amazônia (AM) formam um clado monofilético, em quatro casos (*Metachirus nudicaudatus*, *Marmosa murina*, *Oryzomys megacephalus* e *Oecomys trinitatis*) o componente da Floresta Atlântica (FA) se encontra em um clado inclusivo dentro de um clado maior contendo organismos da AM ou da diagonal de matas abertas (DA) e em três casos (*Rhipidomys*, *Caluromys* e *Marmosops*) as linhagens da FA não formam grupo monofilético. Além disso, a autora desse estudo molecular de pequenos mamíferos (Costa, 2003) também ressalta a importância dos organismos florestais que ocorrem na DA como parte integrante da diversidade florestal no neotrópico. Finalmente, parece haver uma tendência de localidades no sudoeste da DA serem mais próximos à AM e localidades no nordeste mais relacionados à FA. Um exemplo com aves é o estudo filogenético do gênero *Xiphorhynchus* (Aleixo, 2002) cujos táxons avaliados ocorrem, de um modo geral, na Amazônia, na Mata Atlântica e na América Central e não se agrupam segundo o bioma de ocorrência. Já com lagartos do gênero *Leposoma* (Pellegrino *et al.*, 2005b), há congruência entre linhagens e biomas, com as espécies da FA e as da AM se agrupando em clados reciprocamente monofiléticos bem suportados. No entanto, no gênero de lagartos *Enyalius* (Bertolotto, 2006) tal congruência não foi encontrada.

Essa complexidade da história dos biomas deve refletir os diversos eventos de mudança aos quais a região neotropical esteve sujeita em vários momentos

no passado. Entre eles podemos citar as mudanças climáticas globais, a orogênese dos Andes, a formação e mudança nas bacias hidrográficas, entre outros.

DIVERSIDADE NA FLORESTA ATLÂNTICA

A Floresta Atlântica (FA) está especialmente sob pressão, sendo que muito pouco da cobertura existente antes da chegada dos europeus persiste ainda hoje. Diversos organismos que ocorrem nesse bioma mostram um padrão de distribuição da variabilidade genética com um componente mais ao norte e outro mais ao sul. Podemos citar pequenos mamíferos dos gêneros *Rhipidomys*, *Micoureus* e *Metachirus* (Costa, 2003), a preguiça *Bradypus variegatus* (Moraes-Barros *et al.*, 2006), a serpente *Bothrops jararaca* (Grazziotin *et al.*, 2006), o lagarto *Gymnodactylus darwini* (Pellegrino *et al.*, 2005a), o gênero de lagartos *Enyalius* (Bertolotto, 2006) e a ave *Xiphorhynchus fuscus* (Cabanne *et al.*, 2007). O interessante é que a separação desses grupos apresenta alguma coincidência geográfica. Em alguns casos há uma associação com o rio Doce e em outros, o contato entre as linhagens ocorre dentro do estado de São Paulo (próximo ao vale do rio Paraíba do Sul ou mais ao sul do estado). Isso não significa que esses marcos sejam os fatores que causaram a divergência das linhagens, mas que há certa coincidência espacial.

Dentre os tipos florestais que compõem a FA, os brejos de altitude que ocorrem em elevações dentro da caatinga são bastante interessantes. Nesses enclaves florestais ocorre uma diversidade de organismos que têm se mostrado geneticamente diferenciados de outros que ocorrem no bioma. Como exemplo, podemos citar uma filogenia do gênero de lagarto *Leposoma* (Pellegrino *et al.*, 2005b) que indicou que a espécie que ocorre na Serra do Baturité (*L. baturitensis*) foi isolada há muito tempo e não teve contato subsequente com florestas da costa leste. Já um estudo molecular com os anfíbios florestais *Proceratophrys boiei* e *Ischnocnema gr. ramagii* amostrados em vários brejos revelou que cada um abriga um grupo monofilético ou quase monofilético (Carnaval & Bates, 2007). Em outras palavras, cada enclave possui sua história evolutiva diferente. As estimativas de datas das divergências das linhagens desses anfíbios e dos eventos de expansão populacional coincidem com períodos mais secos e com períodos de máximos pluviais, respectivamente. Como esses brejos de altitude têm sido degradados pela ação humana, é possível reforçar a argumentação a favor da conservação de cada enclave baseado na presença desses grupos geneticamente únicos.

DATA DE DIVERSIFICAÇÃO

Em geral, as estimativas de datas dos eventos de diversificação intragenéricas (ou seja, a divergência de linhagens que originaram as espécies) apontam para antes do Pleistoceno. Isso ocorre, por exemplo, em vários pequenos mamíferos (Costa, 2003) e no gênero de ave *Pionopsitta* (Ribas *et al.*, 2005). Já a diversificação de linhagens dentro de espécies parece ter se concentrado no Pleistoceno. Tal padrão é encontrado, por exemplo, em morcegos (Ditchfield, 2000), no felino *Panthera onca* (Eizirik *et al.*, 2001), em preguiças (Moraes-Barros *et al.*, 2006) e na ave *Xiphorhynchus fuscus* (Cabanne *et al.*, 2007). Há exceções a esse padrão geral, o que é esperado, pois estimar datas utilizando dados moleculares requer que vários parâmetros sejam conhecidos, e nem sempre estão disponíveis.

Apesar de termos apresentado alguns padrões gerais, como ainda não conhecemos bem a nossa megadiversidade, é bem possível que esses padrões se modifiquem com a adição de novos dados.

AGRADECIMENTOS

Ao José Maria Cardoso da Silva e ao José Alexandre Diniz Filho, organizadores do Simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil” no “XX Congresso Brasileiro de Zoológicos”, pelo convite para participar do evento e para redigir esse texto. À Kátia Pellegrino por disponibilizar dados não publicados e pelas sugestões. Os trabalhos produzidos pelo Laboratório de Genética e Evolução Molecular de Aves do Departamento de Genética e Biologia Evolutiva do Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo foram financiados pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Albuquerque, J.L.B. 1996. Padrões de variação geográfica em algumas espécies de aves da floresta atlântica brasileira: o papel de barreiras e eventos vicariantes. Tese de Doutorado, Universidade Federal do Rio Grande do Sul.
- Aleixo, A. 2002. Molecular systematics and the role of the “Várzea” - “Terra Firme” ecotone in the diversification of *Xiphorhynchus* woodcreepers (Aves; Dendrocolaptidae). *Auk* 119: 621-640.
- Aleixo, A. 2009. Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação. *Megadiversidade* 5(1-2): 87-95.

- Avise, J.C. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman & Hall, New York.
- Bertolotto, C.E.V. 2006. *Enyalius* (Leiosauridae, Squamata): o que os dados moleculares e cromossômicos revelam sobre esse gênero de lagartos endêmico do Brasil. Tese de Doutorado, Universidade de São Paulo.
- Cabanne, G.S., F.R. Santos & C.Y. Miyaki. 2007. Phylogeography of *Xiphorhynchus fuscus* (Passeriformes: Dendrocolaptidae): vicariance and recent demographic expansion in the southern Atlantic forest. *Biological Journal of the Linnean Society* 91: 73-84.
- Carnaval, A.C. & J.M. Bates. 2007. Amphibian DNA shows marked genetic structure and tracks Pleistocene climate change in northeastern Brazil. *Evolution* (doi:10.1111/j.1558-5646.2007.00241.x).
- Costa, L.P. 2003. The historical bridge between the Amazon and the Atlantic Forest of Brazil: a study of molecular phylogeography with small mammals. *Journal of Biogeography* 30: 71-86.
- Ditchfield, A.D. 2000. The comparative phylogeography of Neotropical mammals: patterns of intraspecific mitochondrial DNA variation among bats contrasted to nonvolant small mammals. *Molecular Ecology* 9: 1.307-1.318.
- Eizirik, E., J-H.Kim, M. Menotti-Raymond, P.G. Crawshaw Jr., S.J.O'Brien, & W. E. Johnson. 2001. Phylogeography, population history and conservation genetics of jaguars (*Panthera onca*, Mammalia, Felidae). *Molecular Ecology* 10: 65-79.
- Grazziotin, F.G., M. Monzel, S. Echeverrigaray & S.L. Bonatto. 2006. Phylogeography of the *Bothrops jararaca* complex (Serpentes: Viperidae): past fragmentation and island colonization in the Brazilian Atlantic Forest. *Molecular Ecology* 15: 3969-3982.
- Moraes-Barros, N., J.A.B. Silva, C.Y. Miyaki & J.S. Morgante. 2006. Comparative phylogeography of the Atlantic forest endemic sloth (*Bradypus torquatus*) and the widespread three-toed sloth (*Bradypus variegatus*) (Bradypodidae, Xenarthra). *Genetica* 126: 189-198.
- Pellegrino K.C.M., M.T. Rodrigues, A.N. Waite, M. Morando, Y.Y. Yassuda & J.W. Sites. 2005a. Phylogeography and species limits in the *Gymnodactylus darwinii* complex (Gekkonidae, Squamata): genetic structure coincides with river system in the Brazilian Atlantic Forest. *Biological Journal of the Linnean Society* 85: 13-26.
- Pellegrino, K.C.M., M.T. Rodrigues & J.W. Sites Jr. 2005b. Molecular phylogeny and origin of parthenogenesis in lizards of the genus *Leposoma* (Squamata, Gymnophthalmidae). 5th World Congress of Herpetology, Stellenbosch, South Africa.
- Ribas, C.C., R. Gaban-Lima, C.Y. Miyaki & J. Cracraft, 2005. Historical biogeography and diversification within the Neotropical parrot genus "*Pionopsitta*" (Aves; Psittacidae). *Journal of Biogeography* 32: 1409-1427.

Estruturação genética na escala de paisagem

MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES¹ *
ROGÉRIO PEREIRA BASTOS²

¹ Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

² Departamento de Ecologia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Brasil.

* e-mail: mpctelles@pq.cnpq.br

RESUMO

O aumento na disponibilidade de bancos de dados geo-referenciados em escala regional, aliado aos numerosos marcadores genéticos disponíveis e às inovações nas análises estatístico-espaciais, resultou em um enorme avanço na habilidade de estudar a influência das variáveis da paisagem na determinação da variação/estrutura genética nas populações. Como consequência, surgiu uma abordagem que integra ecologia de paisagem, estatística espacial e genética de populações (*Landscape Genetics*), permitindo o aprimoramento dos estudos tradicionais em genética de populações. Essa abordagem utiliza análises que permitem testar de forma explícita a influência das características do ambiente/paisagem no fluxo gênico, criando descontinuidades genéticas e estruturando geneticamente as populações. Existem várias questões básicas e aplicadas que podem ser estudadas com essa abordagem, mas em todos os casos um ponto que deve ser avaliado com cautela é o delineamento amostral para a coleta de material biológico, que nos estudos genético-populacionais normalmente é realizado de maneira “oportunistamente” em locais conhecidos ou de fácil acesso. A consequência é a possível falha na detecção da variação espacial nos dados genéticos, resultando em dificuldades no entendimento dos processos espaciais ou na inferência errônea do modelo ecológico-evolutivo subjacente aos padrões. Algumas dessas metodologias foram utilizadas para analisar a estrutura genética de *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) no Cerrado, com base em marcadores RAPD, relacionando-a aos padrões de ocupação humana no Estado de Goiás. Pode-se verificar que a variabilidade genética está estruturada nas populações e a análise de descontinuidade genética mostrou que existem características da ocupação humana que afetam a divergência genética entre populações de *P. cuvieri*. Levando-se em conta estas informações, foi possível estabelecer de forma mais efetiva e complexa, unidades operacionais intrapopulacionais que conservem a variabilidade genética existente e auxiliem na definição de áreas que contenham populações mínimas viáveis. Embora os estudos de genética na escala de paisagem ainda possam ser considerados recentes, espera-se, para um futuro próximo, que um avanço nessa área dependerá do aprimoramento dos novos métodos, bem como de uma melhor amostragem de dados genéticos a fim de que estes possam ser analisados pelas técnicas espaciais e de ecologia da paisagem. Deste modo, existe uma diversidade de vocabulário, métodos e idéias sendo disponibilizados e somente será possível considerar “genética da paisagem” como uma disciplina, quando geneticistas de populações, ecólogos da paisagem e estatísticos espaciais comunicarem regularmente, disponibilizando tanto as ferramentas quanto a forma correta de uso das mesmas para a comunidade científica.

ABSTRACT

The increase availability of many georeferences databanks at regional scale, associated with many recently developed molecular markers and innovations in spatial data analysis techniques resulted in a great advance in our ability to study the influence of explanatory variables measured at landscape scale in the determination of population genetic variation. As a consequence, a new approach emerged, by integrating landscape ecology, spatial statistics and population genetics (Landscape genetics), improving the more traditional studies of population genetics. This new approach uses analyses that allow a direct test of how environment creates genetic discontinuities and drives population genetics structures. There are many basic and applied questions that can be studied with this new approach, but in all cases an important issue is that answering them require a much better sampling within and among local populations, which is currently performed in an opportunistic way. In this paper I used some of the methodologies developed in the context of landscape genetics to evaluate population structure of *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) in Cerrado, based on RAPD molecular markers and relating the patterns found with patterns of human occupation in the Goiás State. It was possible to detect a clear population structure in data, and analyses of genetic discontinuities showed that it is associated to elements of human occupation throughout the region. Taking all evidence into account, it was possible to establish in a more effective way intraspecific operational units for conservation. Although landscape genetic studies are still recent, it is expected that advances in this new area will depend on the development of new methods, as well as a better sampling of new genetic data that can be analyzed using such techniques of spatial analyses and landscape ecology. Thus, there is currently a diversity of terms, methods and ideas being formalized and only when population geneticists, landscape ecologists and spatial statisticians are able to freely communicate, making available well-developed and applied tools, landscape genetics will be considered a new and independent discipline.

INTRODUÇÃO

O aumento na disponibilidade de bancos de dados georeferenciados em escala regional, aliado aos numerosos marcadores genéticos moleculares disponíveis e às inovações nas análises estatístico-espaciais, resultou em um enorme avanço na habilidade de estudar a influência das variáveis da paisagem na determinação da variação/estrutura genética existente nas populações naturais. Como consequência, surgiu uma abordagem que integra ecologia de paisagem, estatística espacial e genética de populações (*Landscape genetics*), permitindo o aprimoramento dos estudos tradicionais em genética de populações (Manel *et al.*, 2003; Guillot *et al.*, 2005).

A análise genética em escala de paisagem é uma área que está historicamente ligada aos trabalhos desenvolvidos por Robert R. Sokal e colaboradores a partir dos anos 70, recentemente inseridos em um contexto maior de genética geográfica (Epperson, 2003). Nessa nova área, diversas metodologias de análise estatística espacial são aplicadas com o objetivo de descrever

padrões espaciais da variabilidade genética e revelar os processos microevolutivos subjacentes a esses padrões entre e dentro de populações de uma mesma espécie (Manel *et al.*, 2003). A aplicação dessas técnicas se ampliou nos últimos anos (Manel *et al.*, 2007; Storfer *et al.*, 2007), embora a maior parte dos trabalhos que avaliam componentes geográficos da variabilidade genética seja realizada em um contexto de filogeografia, que considera de forma espacialmente não-explícita de que modo linhagens filogenéticas definidas com base em marcadores moleculares (normalmente de DNA mitocondrial ou de cloroplasto) estão distribuídas no espaço geográfico em grandes escalas (regionais, continentais ou globais) (Avice, 2004; Diniz-Filho *et al.*, 2008).

Holderegger & Wagner (2006) acreditam que essa nova área de pesquisa irá induzir os ecólogos da paisagem a pensar mais sobre os processos subjacentes aos padrões espaciais, do mesmo modo como os geneticistas de populações deverão entender que os padrões na paisagem e atividades humanas podem estar associados à dinâmica dos processos microevolutivos que geram

divergência entre indivíduos e populações. Consequentemente, os ecólogos poderão utilizar melhor os métodos moleculares modernos e os geneticistas de populações poderão formular e testar de maneira mais adequada hipóteses incorporando explicitamente as características da paisagem.

A nova abordagem pretende entender a estruturação genética na escala de paisagem e, para tanto, necessita de análises que permitam testar de forma explícita a influência das características do ambiente e/ou paisagem nos padrões de fluxo gênico, gerando descontinuidades que poderão influenciar na estruturação da variabilidade geneticamente presente nas populações. De um modo geral, a proposta é avaliar o poder de explicação adicional dessas características, levando-se em consideração a escala de paisagem no processo de modelagem, quando comparado ao efeito simples das distâncias geográficas que, seguindo as abordagens clássicas em genética de populações, seria o “modelo nulo” a ser utilizado (Holderegger & Wagner, 2006).

Outras aplicações possíveis, a partir dessa abordagem, é a de identificação dos limites da distribuição geográfica das espécies crípticas, que são gerados por interrupções ao fluxo gênico entre as populações centrais e periféricas e que não podem ser explicadas por nenhuma outra causa óbvia, bem como a detecção de zonas de contato secundário entre populações que estiveram separadas anteriormente (Storfer *et al.*, 2007). Nesse contexto, para contribuir efetivamente para o entendimento de como os processos microevolutivos podem gerar estruturação genética espacial, os dados devem ser coletados com maior precisão e em uma escala espacial refinada, diferente dos estudos filogenéticos tradicionais (Manel *et al.*, 2003).

Os dois passos-chave para os estudos de genética na escala de paisagem são a detecção das “descontinuidades genéticas” e a estimativa da correlação destas com as características ambientais e da própria paisagem, tais como barreiras (por exemplo, montanhas, gradiente de umidade, regiões de intensa ocupação humana, padrões de matriz-manchas etc.). Essa abordagem propicia informações que podem ser úteis em diversas áreas de pesquisa. Para biólogos evolucionistas e ecólogos, pode auxiliar no entendimento de quais e como ocorre a influência do movimento dos indivíduos e/ou dos gametas na estruturação genética de uma população. Entender a dinâmica do fluxo gênico também é fundamental para conhecer os fatores que possibilitam ou previnem a adaptação local, além de possibilitar inferir como ocorre a difusão de novas mutações benéficas na população (Sork *et al.*, 1999; Sork & Smouse, 2006).

Contudo, uma das principais dificuldades da maioria dos biólogos e conservacionistas é exatamente determinar o que se constitui uma barreira natural ou artificial ao fluxo gênico, dentro e entre populações, que está diretamente ligado à persistência da mesma em médio e longo prazo. Neste contexto, as respostas advindas dessa área poderão auxiliar no aprimoramento, por exemplo, da habilidade em delinear Unidades Evolutivas Significativas (*Evolutionary Significant Units*), Unidades de Manejo (*Management Units*), Unidades de Conservação (*Conservation Units*) ou Unidades Operacionais (*Operational Units*) mais eficientes, que são dependentes da detecção da existência bem como da estimativa da magnitude da subdivisão genética entre as populações (Moritz, 1994; Crandall *et al.*, 2000; Moritz, 2002; Diniz-Filho & Telles, 2002; Diniz-Filho *et al.*, 2008).

Existem várias questões básicas e aplicadas a serem examinadas com essa nova abordagem de análise genética na escala de paisagem que podem ser sintetizadas em cinco categorias: 1) quantificar a influência da configuração das populações e variáveis da paisagem na variação genética; 2) identificar barreiras que reduzem o fluxo gênico; 3) identificar dinâmica de fonte-sumidouro e movimentos em corredor; 4) entender as escalas espaciais e temporais dos processos ecológicos; e 5) testar hipóteses ecológicas espécie-específicas (Storfer *et al.*, 2007).

As categorias 1 e 2 têm sido o escopo principal da maioria dos trabalhos, de modo que o objetivo principal dessas novas aplicações é quantificar o efeito da configuração da paisagem nas estimativas indiretas de fluxo gênico e estruturação populacional (Telles *et al.*, 2007; Soares *et al.*, 2008). Neste contexto, os dados genéticos têm sido utilizados para identificar descontinuidades genéticas através da identificação de barreiras que geram interrupções muito ou pouco abruptas ao fluxo gênico, dependendo do tipo de barreira presente nas áreas de estudo (Storfer *et al.*, 2007). A possibilidade de identificar essas barreiras tem implicações importantes para o melhor entendimento dos fatores ecológicos, dos processos microevolutivos e contribuir para o delineamento de estratégias eficientes de conservação biológica (Dodd *et al.*, 2004; Gee, 2004; Funk *et al.*, 2005).

Entender a dinâmica de fonte-sumidouro e a variação qualitativa entre habitats pode ser útil para identificar movimentos em corredor e auxiliar na proposição de delineamentos de reservas para a conservação. Outra possibilidade é a detecção de padrão de fluxo gênico assimétrico, utilizando dados gerados por alelos privados, para identificar habitats que contem populações fonte e sumidouro e estimar o número de migrantes entre as

populações, usando uma abordagem de coalescência (Avice, 2000; Beerli & Felsenstein, 2001) ou “assignment test” (Wilson & Rannala, 2003).

A título de exemplo, em seguida serão apresentados os resultados de um trabalho que utiliza essa abordagem de análise genético-populacional na escala de paisagem. O objetivo geral do trabalho foi analisar a estrutura genética de populações de *Physalaemus cuvieri* (Amphibia: Anura: Leptodactylidae) do Cerrado, utilizando marcadores RAPD, relacionando-a aos padrões de ocupação humana no Estado de Goiás e, com base nos padrões de autocorrelação espacial, delineando Unidades Operacionais que permitem definir estratégias ótimas para a conservação da variabilidade genética da espécie.

DEFINIÇÃO DE UNIDADES OPERACIONAIS PARA A CONSERVAÇÃO DE *PHYSALAEMUS CUVIERI* (ANURA) E PADRÕES DE OCUPAÇÃO HUMANA DO ESTADO DE GOIÁS

Um dos maiores desafios científicos deste século é desenvolver e programar estratégias para evitar a perda de uma parcela importante da biodiversidade global devida principalmente ao aumento acelerado das atividades humanas (Fahring, 2003; Ewers, 2005). De fato, em diversos biomas brasileiros, notadamente a Mata Atlântica e o Cerrado, o processo de ocupação humana fez com que fragmentos pequenos e isolados sejam os únicos representantes atuais da antes abundante cobertura vegetal (Oliveira & Marquis, 2002).

Conforme já discutido, está claro que o conhecimento da estrutura genética das populações naturais, especialmente quando estabelecido a partir de dados moleculares (marcadores neutros), pode ser de grande importância para estabelecer programas de manejo e conservação destas populações (Crozier, 1997; Frankham *et al.*, 2003; Avice, 2004). Em um sentido amplo, o problema na conservação dos Cerrados, como ocorre em diversas regiões do mundo, tem raízes nas políticas agrícolas e de ocupação territorial impróprias, bem como no crescimento rápido da população humana. Historicamente, a expansão agropastoril e o extrativismo mineral no Cerrado têm se caracterizado por um modelo de expansão de área com baixa eficiência relativa, com elevado impacto ao meio ambiente (Klink & Moreira, 2002; Galinkin, 2003).

Os anfíbios, de uma maneira geral, têm sido utilizados como bio-indicadores de ambientes alterados por serem animais muito sensíveis às mudanças no seu habitat natural, como os causados pelos processos descritos acima. Investigações sobre as respostas desses

organismos às alterações ambientais são importantes para a biologia da conservação, pois existem evidências quantitativas sobre o declínio de várias de suas populações em todo o mundo (Stuart *et al.*, 2004). Espécies que são localmente abundantes e/ou têm maior área de distribuição geográfica, tais como *Bufo paracnemis*, *Hyla albopunctata*, *H. minuta*, *Leptodactylus ocellatus* e *Physalaemus cuvieri*, entre outras, poderiam servir como organismos-modelo para avaliar esses processos de fragmentação da paisagem e da perda de habitats na região do Cerrado (Colli *et al.*, 2002) e avaliar as consequências dessas modificações da paisagem na dinâmica microevolutiva das populações de cada espécie. A fim de ilustrar a aplicação de algumas técnicas de análise genética na escala de paisagem, foram analisadas 18 populações locais de *Physalaemus cuvieri* no Estado de Goiás, seguindo a metodologia discutida em detalhe por Telles *et al.* (2006, 2007).

Variabilidade genética entre e dentro de populações locais

De uma maneira geral as populações de *Physalaemus cuvieri* apresentam uma considerável variabilidade genética considerando os 9 primers de RAPD selecionados. O número de locos por *primer* variou entre 4 e 17, totalizando 126 locos nas 18 populações analisadas. A proporção de locos polimórficos variou entre 81% e 94% nas populações, com um valor global de 97%. A diversidade genética ou heterozigose esperada foi relativamente alta e não variou muito entre as populações, alcançando valores entre 0,318 e 0,389 nas populações, com um valor global de 0,408.

A avaliação da estruturação da variabilidade genética utilizando uma Análise de Variância Molecular (AMOVA) forneceu uma estimativa global de $\Phi_{ST} = 0,101$ ($P < 0,0002$, com 5000 permutações), de modo que 89,86% da variância genética está no componente intrapopulacional. Considerando a escala geográfica em estudo (maior distância igual a 845,1 km), mesmo populações que estão próximas geograficamente já apresentam uma considerável divergência genética.

Padrões espaciais da divergência genética das populações

A partir das análises de variabilidade genética entre e dentro das populações pode-se observar que existe diferenciação significativa entre as populações. A etapa seguinte é verificar como a variabilidade genética está estruturada no espaço. As distâncias genéticas obtidas pela AMOVA (Φ_{ST} entre os pares de populações) variaram entre 0,012 e 0,175. Em função da

alta dimensionalidade dos dados genéticos utilizados (RAPD), não foi possível representar de forma satisfatória as distâncias genéticas utilizando técnicas de agrupamento ou ordenação, como UPGMA ou NMDS. Isso mostra que não existe um padrão espacial claro que possibilite a interpretação global da estruturação da variabilidade genética, sugerindo que investigações mais detalhadas e que levem em conta outras variáveis que possivelmente estejam interferindo na microevolução destas populações devem ser realizadas. De fato, o teste de Mantel revelou que há uma correlação matricial baixa e não significativa entre distância genética e geográfica, igual a 0,140 ($P = 0,129$, com 5000 permutações). Esses resultados sinalizam que a distância geográfica sozinha não é capaz de explicar o padrão espacial da variabilidade genética entre essas populações de *P. cuvieri*.

Um correlograma multivariado pode ser obtido como uma extensão do teste de Mantel e permite relacionar o coeficiente de correlação matricial com o aumento das distâncias geográficas (Figura 1), sugerindo haver um padrão de isolamento-por-distância na variação genética, com populações próximas no espaço geográfico, situadas entre si a distâncias menores do que 180 quilômetros, tendendo a ser mais similares geneticamente entre si do que o esperado pelo acaso ($r = 0,169$, $p = 0,042$ com 5000 permutações). À medida que as distâncias geográficas aumentam as correlações matriciais diminuem e deixam de ser significativas.

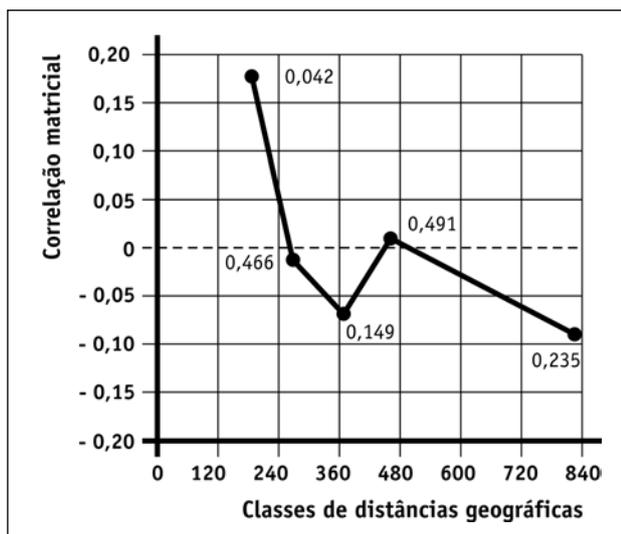


FIGURA 1 – Correlograma de Mantel construído com base nas distâncias genéticas (Φ_{ST}) entre 18 populações de *P. cuvieri*, ao longo de cinco classes de distâncias geográficas. Os números indicam a probabilidade de erro tipo I obtida usando 5.000 permutações pelo teste de Mantel.

Correspondência entre Distâncias Genéticas e Dados Sócio-Econômicos e Ambientais

Uma análise de descontinuidade foi realizada selecionando-se 20% dos maiores desvios na relação entre distâncias genéticas e distâncias geográficas, mostrando que uma série de descontinuidades aparecem nas regiões Sudeste e Noroeste do Estado de Goiás, separando inclusive populações muito próximas no espaço geográfico.

Uma inspeção visual das distâncias genéticas nessas conexões em relação ao mapa de fragmentos naturais remanescentes no Estado de Goiás com área > 100 ha, disponibilizado pela SMARH do Estado de Goiás, sugere que efeitos antrópicos ligados à fragmentação da paisagem podem estar interferindo nos padrões de divergência genética e nas descontinuidades. A fim de avaliar de modo quantitativo essa hipótese, pareou-se as distâncias genéticas ao longo das conexões de Delaunay, com dados médios ou somas de algumas variáveis mais associadas a esse processo: Distâncias geográficas, em escala logarítmica (G); Ano médio de instalação dos municípios (A); População humana no ano 2000, em escala logarítmica (P); Renda per capita (R); Número de municípios ao longo da conexão de Delaunay (NM); Número de fragmentos naturais (NF); Área dos fragmentos naturais (AF). Essas variáveis foram combinadas a fim de gerar 12 modelos (Tabela 1), que foram então comparados pelo critério de Akaike (AIC) a fim de selecionar o modelo mais parcimonioso.

O menor valor de AIC foi obtido para o modelo que usa como preditores população humana e ano médio de instalação dos municípios ($P + A$, com $AIC_c = 11,0909$), seguido pelo modelo com as duas variáveis de fragmentação ($AF + NF$, com $AIC_c = 11,0932$) e pelo modelo envolvendo distâncias geográficas e ano de instalação dos municípios ($G + A$, com $AIC_c = 11,0933$). No modelo mais explicativo, distâncias genéticas mais elevadas aparecem em conexões com maior população humana e com anos médios de instalação mais elevados (menos tempo até o presente). Pode-se perceber que a combinação dos efeitos dessas duas variáveis preditoras (P e A) explica diferentes conjuntos de barreiras, o que é esperado considerando a baixa correlação entre P e A ao longo da rede ($r = -0,019$).

Estratégias para a conservação da variabilidade genética

Os resultados deste estudo mostram importantes efeitos de uma dinâmica diferenciada de ocupação humana entre as regiões do Estado de Goiás, que por sua vez determinam consequências diversas para a paisagem

TABELA 1 – Resultados da seleção de modelos para explicar a divergência genética ao longo das conexões na rede de Delaunay, utilizando o critério de Akaike. Valores de Δ_i menores do que 2 indicam modelos mais informativos.

	MODELOS*	AIC_c	Δ_i	w_i	R^2
1	Saturado	40,51240	29,42150	0,00000	0,34560
2	G + A	11,09330	0,00240	0,28843	0,13570
3	G + A + P	15,01392	3,92302	0,04062	0,26540
4	G + A + P + R	19,64992	8,55902	0,00400	0,28480
5	G + A + P + R + NM	25,21308	14,12218	0,00025	0,30970
6	NF + AF	11,09325	0,00235	0,28844	0,13850
7	NF + AF + P	15,01321	3,92231	0,04063	0,30280
8	NF + AF + P + NM	19,64956	8,55866	0,00400	0,30380
9	NF + AF + P + NM + R	25,21302	14,12212	0,00025	0,31320
10	A + G + NF + AF	19,65230	8,56140	0,00399	0,15930
11	P + R + NM	15,01367	3,92277	0,04062	0,27870
12	P + A	11,09090	0,00000	0,28878	0,26260

(*) Variáveis preditores nos modelos: Distâncias geográficas, em escala logarítmica (G); Ano médio de instalação dos municípios (A); População humana no ano 2000, em escala logarítmica (P); Renda per capita (R); Número de municípios ao longo da conexão de Delaunay (NM); Número de fragmentos naturais (NF); Área dos fragmentos naturais (AF).

natural. De fato, o mapa de remanescentes de vegetação natural mostra que nesta região restam áreas pequenas e muito fragmentadas de ambientes naturais (Figura 2). Assim, apesar do processo de ocupação humana ser relativamente recente, em termos de tempo ecológico-evolutivo, os resultados das análises genéticas já permitiram verificar que essa região, de fato, será um problema para a definição de estratégias de conservação para esta espécie e para biodiversidade como um todo. No caso de *P. cuvieri*, especificamente, populações viáveis podem ocupar áreas relativamente pequenas, de modo que mesmo essas regiões nas quais praticamente não existem fragmentos representativos na vegetação nativa, podem conter habitats adequados para esta espécie. Sendo assim, o problema a ser resolvido seria encontrar uma forma de possibilitar a conectividade entre estas pequenas “ilhas” para permitir o fluxo gênico e, conseqüentemente, a viabilidade das populações desta espécie a médio e longo prazo.

Seguindo a metodologia proposta por Diniz-Filho & Telles (2002), as populações de *P. cuvieri* (amostras) distantes entre si até cerca de 180 km (o intercepto do correlograma) podem ser consideradas como Unidades Operacionais (*Operational Units*), ou seja, unidades genéticas independentes para a conservação da variabilidade genética desta espécie. Embora existam muitas outras populações de *P. cuvieri* que não foram amostradas

neste trabalho, utilizou-se a configuração espacial das 18 populações analisadas geneticamente a fim de propor um conjunto mínimo de populações que permitiriam a manutenção da maior parte da diversidade genética quantificada via marcadores RAPD. A rede de Unidades Operacionais (UO) pode ser desencadeada a partir da localidade com maior variabilidade genética intra-populacional. Para *P. cuvieri* a população de Pontalina apresentou maior índice de diversidade genética e maior número de locos polimórficos, e pelo menos um indivíduo que contém bandas nos 126 locos analisados. A partir da população de Pontalina foram selecionadas apenas populações que distem entre si aproximadamente 180km, totalizando assim oito Unidades Operacionais (Figura 3A).

Entretanto, mesmo populações próximas geograficamente podem apresentar descontinuidades genéticas em função dos processos de ocupação humana, principalmente nas regiões sudoeste e sul do Estado, conforme já discutido. Essa descontinuidade causa inclusive uma subestimativa da magnitude da redundância na variabilidade genética medida pelo teste de Mantel. Assim, o procedimento de escolha de Unidades Operacionais precisa ser modificado a fim de corrigir essas descontinuidades espaciais. Para levar em consideração esse efeito de descontinuidades genéticas, a rede com 8 Unidades Operacionais definida anteriormente foi

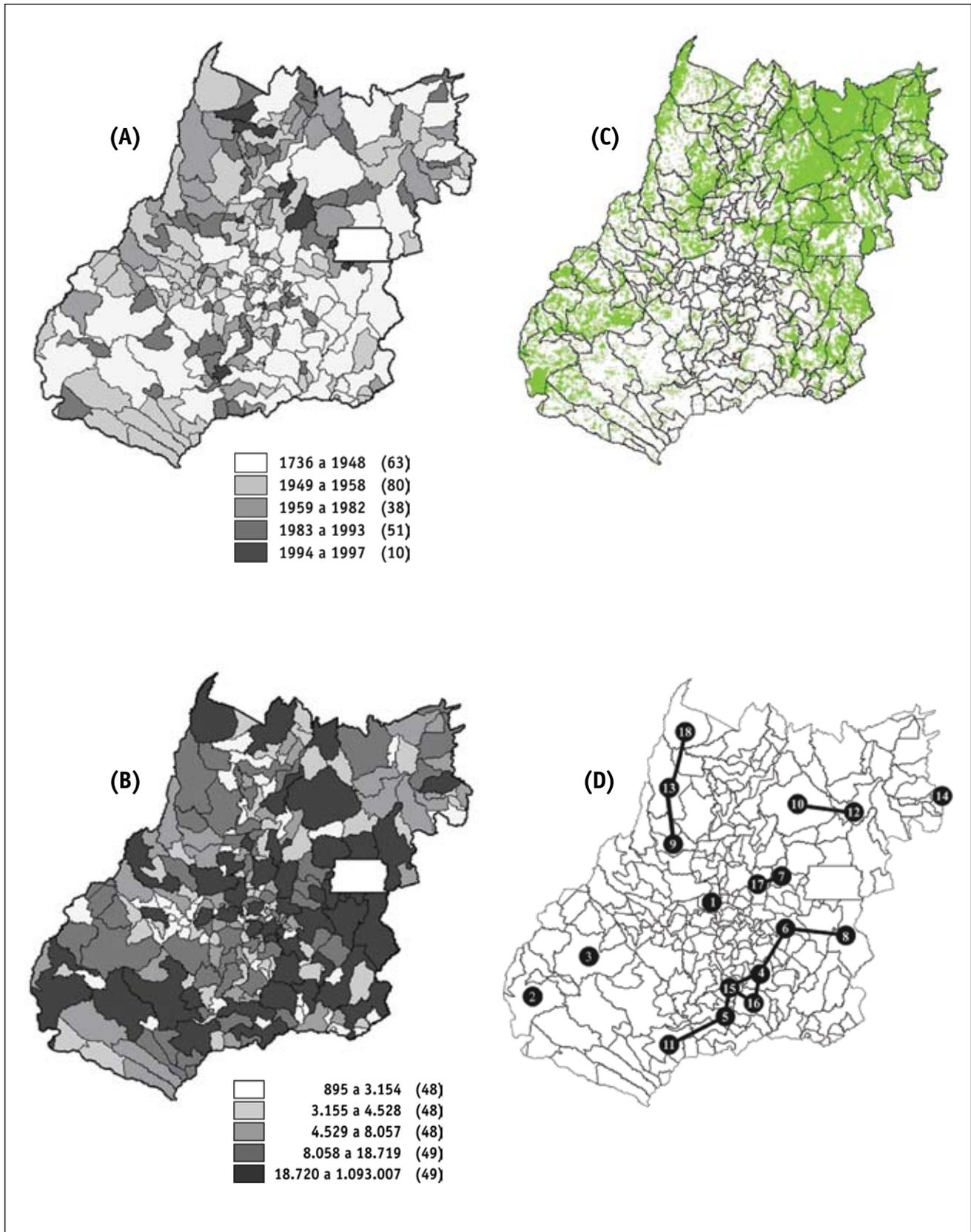


FIGURA 2 – (A) Mapa do ano de instalação dos municípios do Estado de Goiás; (B) Mapa da população residente nos municípios do Estado de Goiás em 2000 (PNUD, 2003); (C) Remanescentes Florestais no Estado de Goiás (SEMARH, 2004); (D) Análise de descontinuidade genética sobre a rede de Delaunay, com as linhas cheias indicando presença de barreiras.

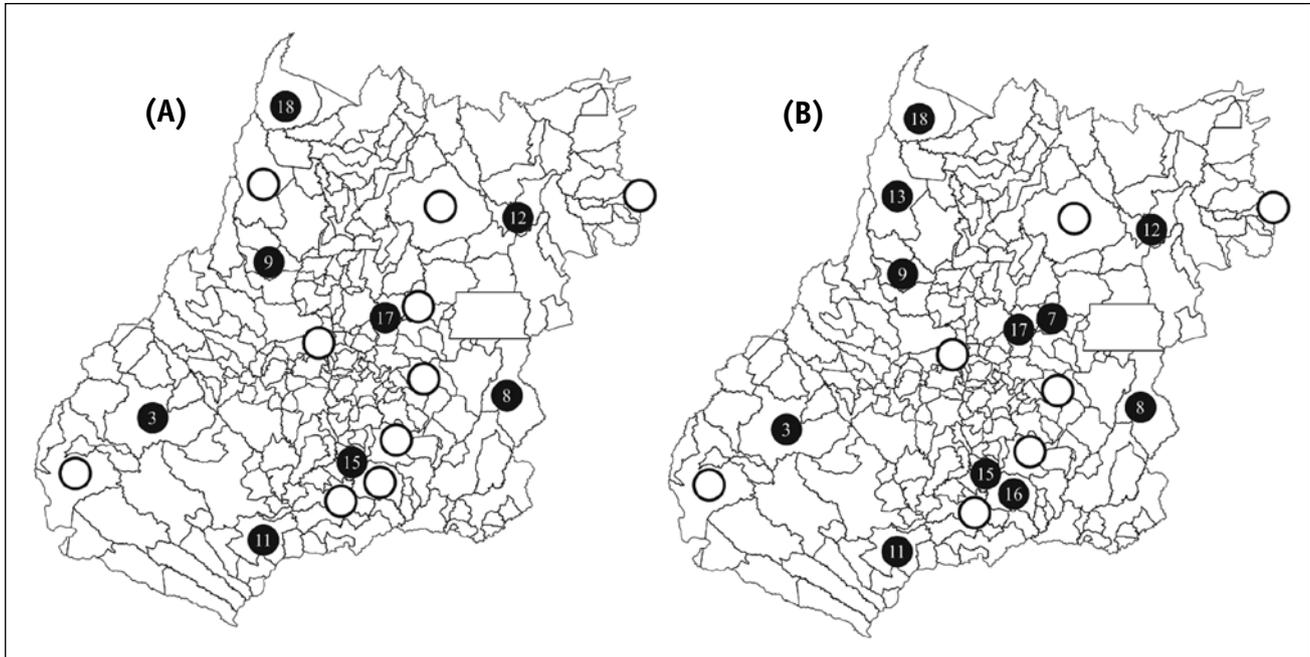


FIGURA 3 – (A) Definição de Unidades Operacionais Intraespecíficas definidas com base no correlograma multivariado; (B) Uma possibilidade para a definição de Unidades Operacionais Intraespecíficas, definidas com base no correlograma multivariado, levando-se em conta a presença de descontinuidade.

modificada, adicionando-se como novas unidades que apresentassem descontinuidade, desde que essa nova Unidade não fosse geneticamente redundante em relação à outra Unidade. Por este procedimento foram adicionadas mais três Unidades Operacionais (Figura 3B).

Como do total dos 126 locos RAPD analisados, 78 estão representados em pelo menos um indivíduo das 18 populações, a análise de representatividade dos dois conjuntos de Unidades Operacionais definidas anteriormente foi feita utilizando-se os 48 locos restantes. A representação das bandas destes locos nos conjuntos de Unidades Operacionais mostra que quando se leva em consideração a existência de descontinuidades, a maior parte dos locos está contida em uma maior proporção de Unidades Operacionais na rede (Figura 4). Deste modo essa seria a solução mais eficiente na definição de Unidades Operacionais para a conservação da variabilidade genética existente.

De qualquer modo é preciso chamar a atenção para o elevado nível de fragmentação das regiões sudoeste e sul do Estado de Goiás, nas quais estariam concentradas algumas Unidades. Nesses casos, a persistência da variabilidade genética nas populações provavelmente poderia ser mantida, pelo menos em curto prazo, por uma estrutura metapopulacional (Smith & Green, 2005; mas ver Higgins & Lynch, 2001), de modo que a

Unidade Operacional seria composta por um conjunto de populações locais vivendo em pequenos fragmentos que devem estar conectados de modo eficiente para permitir a ocorrência de fluxo gênico que mantenha a variabilidade genética em níveis considerados bons para a espécie.

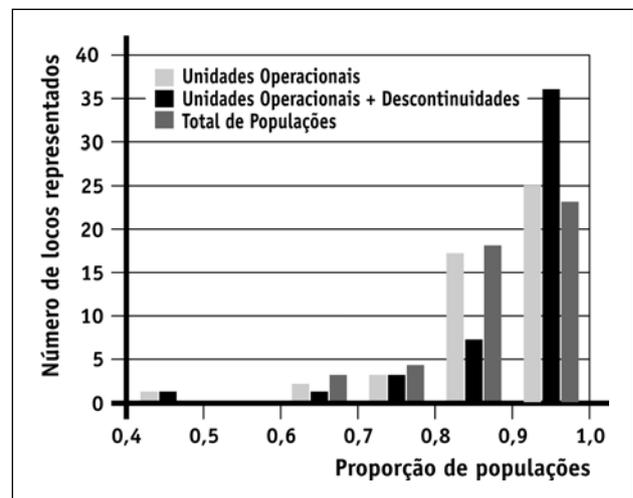


FIGURA 4 – Distribuição do número de locos representados com diferentes proporções no conjunto de populações locais utilizadas como unidades operacionais para a conservação.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Embora os estudos de genética na escala de paisagem ainda possam ser considerados recentes, espera-se, para um futuro próximo, que um avanço nessa área dependerá do aprimoramento dos novos métodos, permitindo tanto a obtenção quanto a transformação correta dos dados genéticos, de modo que eles possam ser analisados pelas técnicas espaciais e de ecologia da paisagem, que já estão bem desenvolvidas. Atualmente existem várias correntes de pesquisas que já disponibilizaram um volume de informações que permite direcionar e melhorar a nossa habilidade de integrar dados de genética de populações com análises em nível de paisagem. Dentre eles pode-se ressaltar: 1) melhoria da representação dos dados genéticos para análises espaciais; 2) incremento do poder de análise de dados ecológicos e 3); aumento de técnicas disponíveis, incluindo abordagens multivariadas, validação de modelos e simulação da paisagem para avaliar mudanças na distribuição das espécies. Deste modo, existe uma diversidade de vocabulário, métodos e idéias sendo disponibilizados e somente será possível considerar “genética da paisagem” como uma disciplina, quando geneticistas de populações, ecólogos da paisagem e estatísticos espaciais comunicarem regularmente, disponibilizando tanto as ferramentas quanto a forma correta de uso das mesmas para a comunidade científica.

AGRADECIMENTOS

Agradeço aos Drs. José Maria Cardoso da Silva e José Alexandre Felizola Diniz-Filho pelo convite para participar do simpósio “Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil”, realizado durante o XXVII Congresso Brasileiro de Zoologia. Ao CNPq pelo apoio financeiro (proc. 471492/2007-8) e bolsas (proc. 309404/2007-0; 152441/2007-7).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Avise, J.C. 2000. *Phylogeography*. Harvard University press, Cambridge, Massachusetts.

Avise, J.C. 2004. *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. SINAUER, USA.

Beerli, P., J. Felsenstein. 2001. Maximum likelihood estimation of a migration matrix and effective population sizes in *n* subpopulations by using a coalescent approach. *PNAS* 98: 4563-4568.

Colli, G.R., R.P. Bastos & A.F.B. Araújo 2002. The character and dynamics of Cerrado herpetofauna. In *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna* (eds P.S. Oliveira & R.J. Marquis), pp. 223-239. Columbia University Press, New York.

Crandall K.A., O.R.P. Bininda-Emonds, G.M. Mace & R.K. Wayne, 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution* 15: 290-295.

Crozier, R.H. 1997. Preserving the information content of species: genetic diversity, phylogeny and conservation worth. *Annual Review Ecology and Systematics* 28: 243-268.

Diniz-Filho, J.A.F. & M.P.C. Telles. 2002. Spatial autocorrelation and the identification of operational units for conservation in continuous populations. *Conservation Biology* 16: 924-935.

Diniz-Filho, J.A.F., M.P.C. Telles, S.L. Bonatto, E. Eizirik, T.R.O. Freitas, P. De Marco, F.R. Santos, A. Sole-Cava & T.N. Soares. 2008. Mapping the evolutionary twilight zone: molecular markers, populations and geography. *Journal of Biogeography* 35: 753-763.

Dodd C.K., W.J. Barichivich, L.L. Smith. 2004. Effectiveness of a barrier wall and culverts in reducing wildlife mortality on a heavily traveled highway in Florida. *Biological Conservation* 118: 619-631.

Epperson B.K., 2003. *Geographical Genetics*. Princeton University Press, New Jersey.

Ewers, R.M. 2005 Are conservation and development compatible? *Trends in Ecology and Evolution* 20(4): 159.

Fahring, L. 2003. Effects of fragmentation on biodiversity. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 34: 487-515.

Frankham R., J.D. Ballou & D.A. Briscoe. 2003. *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press, Cambridge.

Funk, W.C., M.S. Blouin, P.S. Corn, B.A. Maxell, D.S. Pilliod, S. Amish & F.W. Allendorf. 2005. Population structure of Columbia spotted frogs (*Rana luteiventris*) is strongly affected by the landscape. *Molecular Ecology* 14: 483-496.

Galinkin, M. 2003. *GeoGoiás: Estado Ambiental de Goiás 2002*. Fundação CEBRAC: PNUMA:SEMARH, Goiânia.

Gee, J.M. 2004. Gene flow across a climatic barrier between hybridizing avian species, california and gambel's quail (*Callipepla californica* and *C. gambelli*). *Evolution* 58:5: 1.108-1.121.

Guillot, G., A. Estoup, F. Mortier, J.F. Cosson. 2005. A Spatial Statistical Model for Landscape Genetics. *Genetics* 170: 1261-1280.

Higgins K. & M. Lynch, 2001. Metapopulation extinction caused by mutation accumulation. *PNAS* 98(5): 2928-2933.

Holderegger, R. & H.H. Wagner (2006). A brief guide to Landscape Genetics. *Landscape Ecology* 21: 793-796.

Manel, S., M.K. Schwartz, G. Luikart & P. Taberlet. 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution* 18: 189-197.

Manel, S., F. Berthoud, E. Bellemain, M. Gaudeul, G. Luikart, J.E. Swenson, L.P. Waits, P. Taberlet & IntraBiodiv Consortium. 2007. A new individual-based spatial approach for identifying genetic discontinuities in natural populations. *Molecular Ecology* 16: 2031-2043.

- Moritz, C. 1994. Defining “evolutionarily significant units” for conservation. *TREE* 9: 373-75.
- Moritz, C. 2002. Strategies to Protect Biological Diversity and the Evolutionary Processes That Sustain It. *Systematic Biology* 51(2): 238-254.
- Klink, C.A., A.G. Moreira. 2002. Past and current human occupation, and land use. In *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna* (Oliveira O.S. & R.J. Marquis eds). Columbia University Press, New York.
- Oliveira, P.S. & R.J. Marquis. 2002. *The Cerrados of Brazil: Ecology and Natural History of a Neotropical Savanna*. Columbia University Press, New York.
- PNUD, 2003. Atlas do Desenvolvimento Humano no Brasil versão 1.0.1. Fundação João Pinheiro – FJP, Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada – IPEA.
- SEMARH (Secretaria do Meio Ambiente e dos Recursos Hídricos), 2004. I Workshop de Planejamento e Uso Sustentável dos Recursos Naturais do Estado de Goiás, 9 e 10 de dezembro. Goiânia.
- Smith M.A. & D.M. Green. 2005. Dispersal and the metapopulation paradigm in amphibian ecology and conservation: are all amphibian populations metapopulations? *Ecography* 28: 110-128.
- Soares, T.N., L.J. Chaves, M.P.C. Telles, J.A.F. Diniz-Filho & L.V.R. 2008. Landscape conservation genetics of *Dipteryx alata* (“baru” tree: Fabaceae) from Cerrado region of central Brazil. *Genetica* 132:9-19.
- Sork, V.L., J. Nason, D.R. Campbell & J.F. Fernandez. 1999. Landscape approaches to historical and contemporary gene flow in plants - *Trends in Ecology & Evolution*, 14(6): 219-224.
- Sork, V.L., P.E. Smouse. 2006. Genetic analysis of landscape connectivity in tree populations. *Landscape Ecology* 21(6): 821-836.
- Storfer, A., M.A. Murphy, J.S. Evans, C.S. Goldberg, S. Robinson, S.F. Spear, R. Dezzani, E. Delmelle, L. Vierling & L.P. Waits. 2007. Putting the ‘landscape’ in landscape genetics. *Heredity* 98:128-142.
- Stuart, S.N., J.S. Chanson, N.A. Cox, B.E. Young, A.S.L. Rodrigues, D.L. Fischman & R.W. Waller. 2004. Status and Trends of Amphibian Declines and Extinctions Worldwide. *Science* 306:1783-1786.
- Telles M.P.C, R.P. Bastos, T.N. Soares, L.V. Resende & J.A.F. Diniz-Filho. 2006. RAPD variation and population genetic structure of *Physalaemus cuvieri* (Anura: Leptodactylidae) in Central Brazil. *Genetica* 128:323-332.
- Telles, M.P.C, J.A.F. Diniz-Filho, R.P. Bastos, T.N. Soares, L.D. Guimarães & L. P. Lima. 2007. Landscape genetics of *Physalaemus cuvieri* in Brazilian Cerrado: Correspondence between population structure and patterns of human occupation and habitat loss. *Biological Conservation* 139: 37-46.
- Wilson G.A. & B. Rannala. 2003. Bayesian Inference of Recent Migration Rates Using Multilocus Genotypes. *Genetics* 163:1177-1191.



**CONSERVAÇÃO
INTERNACIONAL**

— **BRASIL** —

MEGADIVERSIDADE

Volume 5 | Nº 1-2 | Dezembro 2009

Os desafios científicos para a conservação da biodiversidade no Brasil

SUMÁRIO

- 3 Apresentação**
JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO, JOSÉ MARIA CARDOSO DA SILVA & ADRIANO PAGLIA
- 5 Padrões e processos ecológicos e evolutivos em escala regional**
JOSÉ ALEXANDRE FELIZOLA DINIZ-FILHO, LEVI CARINA TERRIBILE, GUILHERME DE OLIVEIRA & THIAGO FERNANDO L.V.B. RANGEL
- 17 Mudanças climáticas e seus efeitos sobre a biodiversidade: um panorama sobre as atividades de pesquisa**
TADEU SIQUEIRA, ANDRÉ ANDRIAN PADIAL & LUIS MAURICIO BINI
- 27 Diferentes abordagens para a seleção de prioridades de conservação em um contexto macrogeográfico**
RAFAEL D. LOYOLA & THOMAS M. LEWINSOHN
- 43 Desafios para a identificação de áreas para conservação da biodiversidade**
CRISTIANO NOGUEIRA, PAULA H. VALDUJO, ADRIANA PAESE, MÁRIO BARROSO RAMOS NETO & RICARDO BOMFIM MACHADO
- 54 Integrando padrões e processos para planejar sistemas regionais de unidades de conservação**
RICARDO BOMFIM MACHADO, MÁRIO BARROSO RAMOS NETO, SANDRO MENEZES SILVA, GEORGE CAMARGO, ELAINE PINTO, RAFAEL LUIS FONSECA, CRISTIANO NOGUEIRA & ANA PIMENTA RIBEIRO
- 65 Como determinar a distribuição potencial de espécies sob uma abordagem conservacionista?**
PAULO DE MARCO JÚNIOR & MARINEZ FERREIRA DE SIQUEIRA
- 77 Padrões de endemismos e a conservação da biodiversidade**
CLAUDIO JOSÉ BARROS DE CARVALHO
- 87 Conceitos de espécie e suas implicações para a conservação**
ALEXANDRE ALEIXO
- 96 Filogeografia e a descrição da diversidade genética da fauna brasileira**
CRISTINA YUMI MIYAKI
- 101 Estruturação genética na escala de paisagem**
MARIANA PIRES DE CAMPOS TELLES & ROGÉRIO PEREIRA BASTOS

