

Cycloramphus bolitoglossus (Werner, 1897) (Amphibia, Anura): execução de ações do plano de ação nacional de conservação de espécies ameaçadas de extinção e estratégias para a conservação.

Biólogo, Dr. Peterson Trevisan Leivas

Curitiba, setembro de 2016

Síntese

São poucas as ferramentas existentes que permitem a tomadas de ações para o manejo e conservação da fauna. Entre as ferramentas disponíveis para nortear ações de gestão e proteção da biodiversidade temos a avaliação do risco de extinção das espécies indicados pelas listas de espécies ameaçadas (internacionais, nacionais e estaduais) e o plano de ação nacional de conservação de espécies ameaçadas de extinção (PAN). Em conjunto, essas ferramentas indicam espécies e ações de maior importância para a conservação da biodiversidade (MMA, 2015). Assim, as espécies contempladas nessas ferramentas devem ter esforços de pesquisa priorizados.

Cycloramphus bolitoglossus (Werner, 1897) é um anfíbio anuro endêmico da Mata Atlântica, categorizado na lista de espécies ameaçadas nacional como quase ameaçado “NT” e dados deficientes “DD” para a lista estadual (Paraná) e internacional (IUCN). No PAN esta espécie é indicada com duas ações prioritárias: (1) buscar novas populações e novas áreas de ocorrência nas regiões de ocorrências conhecidas para a espécie (nordeste de Santa Catarina e sudeste do Paraná, Ação 3.23) e (2) Avaliar o nível de variabilidade genética das populações da espécie (Ação 3.9).

Considerando a importância da execução das ações previstas no PAN para avaliação do status de ameaça, manejo e conservação de *C. bolitoglossus* e das áreas que a espécie ocorre, o objetivo desse projeto é executar as ações previstas no PAN herpetofauna sul para *C. bolitoglossus* acima citadas (ações 3.9 e 3.23), caracterizar o microhabitat da espécie, mapear áreas de ocorrência da espécie e indicar áreas passíveis de ocorrência da espécie na América do Sul.

Objetivos

Objetivo Geral

Executar as ações previstas para *Cycloramphus bolitoglossus* no PAN Herpetofauna Sul (ações 3.9 e 3.23), caracterizar e mapear áreas de ocorrência da espécie e indicar áreas passíveis de ocorrência da espécie.

Objetivos específicos:

Objetivo: 1. Buscar novas populações e novas áreas de ocorrência nas regiões de ocorrências conhecidas para a espécie (PAN, Ação 3.23)

Objetivo: 2. Caracterizar o micro habitat de ocorrência da espécie (condições físicas e vegetacionais) nas áreas em que foi registrada.

Objetivo: 3. Determinar a área de ocorrência potencial de *C. bolitoglossus* na Mata Atlântica com base nos registros realizados e modelagem ambiental.

Objetivo: 4. Avaliar o nível de variabilidade genética das populações da espécie (PAN, Ação 3.9)

Métodos

Para os objetivos 1, 2 e 4 serão determinados 33 pontos amostrais (PA) nos municípios de Blumenau, Corupa, Garuva, Itaja, Joenvile, São Bento do Sul (Santa Catarina) e Campina Grande do Sul, Quatro Barras, Piraquara, São José dos Pinhais, Tijucas do Sul (Paraná). Essa determinação será baseada em registros conhecidos da espécie. Serão realizadas 8 amostragens mensais de 8 dias (novembro a fevereiro), total de 64 dias. Em cada município serão determinados 3 PA, que serão vistoriados por 2 pessoas durante 2 dias/noites (16 as 23:59 h) por busca ativa visual e auditiva (BA) em transeções na mata e amostragens por quadrantes (AQ). Nos PA, serão estabelecidas 8 transeções de 200 m cada (total 1.600m) e 10 quadrantes de 25 m (Jaeger Inger, 1994). Os exemplares serão medidos, sexados e coletado tecido para análise molecular.

As características físicas e vegetacionais do micro habitat em cada PA serão coletadas no término da amostragem. Serão determinadas as seguintes características de micro clima: temperatura (T) e umidade (U) do ar e da serrapilheira. Para a caracterização vegetacional serão avaliados: espessura da serrapilheira, altura do estrato arbóreo (medida da copa das árvores), densidade do estrato arbóreo (circunferência altura do peito, ou 1,30m de altura) e densidade do estrato arbustivo (número de hastes arbustivas, dentro de uma circunferência de 1,50 m de raio ao redor do ponto amostral, a 0,50 m de altura).

Para determinar a área de ocorrência da espécie e realizar a modelagem ambiental (obj. 3) serão utilizados os registros de campo, bibliografia e museu. A consulta a museus será realizada nas coleções herpetológicas do Museu Nacional do Rio de Janeiro, Museu de Zoologia da Universidade de São Paulo, Universidade Federal de Santa Catarina, Museu de História Natural Capão da Imbuia e PUC/RS. A revisão bibliográfica será realizada em bases *on line*, artigos científicos, teses e dissertações e com pesquisadores da área. Para cada registro serão coletadas as coordenadas geográficas para confeccionar o mapa de ocorrência da espécie. Posteriormente será realizada uma análise de modelagem potencial de distribuição que indicará áreas passíveis de ocorrência da espécie. Os dados ambientais que serão utilizados para

produzir os modelos de distribuição serão baseados nas 19 variáveis bioclimáticas e topográficas disponíveis no Worldclim Global Data Climáticas. A modelagem de nicho será feita com o algoritmo de máxima entropia no software MAXENT (Elith et al. 2011). O método é baseado na ideia de que os pontos representam uma distribuição incompleta e utiliza apenas as presenças no local. Os modelos de nicho serão baseados em modelos logísticos de predição com 25% das amostras usadas como ajuste. Os modelos que melhor explicam a distribuição potencial de cada espécie (envelope climático) serão obtidos através de processo de seleção com critério de Akaike (AIC) implementado no software ENM tools (Warren & Seifert 2011).

Objetivo 4 será determinada a variabilidade genética populacional com base na relação entre as populações e haplótipos. SDNA genômico será extraído de cada amostra utilizando kits comerciais (ex. DNeasy®). fragmentos de três genes serão utilizados para a caracterização da variabilidade intrapopulacional: os genes mitocondriais 16S e ND2 e gene nuclear beta-fibrinogênio (ver FITZPATRICK et al. 2009 para sequências de primers e condições de termociclagem). Eletroferogramas serão pareados utilizando o software Staden (2003) e as sequências obtidas serão alinhadas com o software MUSCLE (Edgar 2004) para análises posteriores. Dados de cada localidade serão caracterizados com medidas padrão quanto à sua variabilidade genética, incluindo diversidade de haplótipos (h), número médio de diferenças de nucleotídeos (k), diversidade de nucleotídeos (p), o número de sites com substituições (s), número médio de diferenças pareadas e a composição nucleotídica utilizando o software Arlequin 3.11 (Excoffier et al. 2005).

Plano de Informação

A divulgação ocorrerá para diferentes públicos:

1. Gestores: será confeccionado um documento com os principais resultados que será entregue aos órgãos ambientais nacionais, estaduais e para a IUCN.
2. Comunidade não acadêmica: serão realizadas oficinas nas escolas nas áreas adjacentes em que a espécie foi registrada a fim de conscientizar os moradores sobre a importância dos anfíbios e da preservação de áreas florestadas para os anfíbios e preservação da espécie.
3. Comunidade acadêmica: os resultados serão divulgados em congressos internacionais, nacionais e submetidos para publicação em revista científica.

Referências Bibliográficas

- Edgar, R. C. 2004. *Nucleic Acids Res.* 32(5):17921797.
- Elith J., Phillips S.J., Hastie T., Dudík M., Chee Y.E. & Yates C.J.A 2011. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Diversity and Distribution* 17: 43–47
- Excoffier, L.; Laval, G. & Schneider, S. 2005. *Evolutionary Bioinformatics Online* 1:4750.
- Fitzpatrick, S. W.; Brasileiro, C. A.; Haddad, C. F. B.; & Zamudio, K. R. 2009. *Molecular Ecology* 18:28772896.
- Jaeger R. & Inger R. F. 1994. Standard techniques for inventory and monitoring: Quadrat sampling. In: *Measuring and Monitoring Biological Diversity. Standard Methods for Amphibians* (eds W. R. Heyer, M. A. Donnely, R. W. McDiarmid, L. C. Hayek & M. S. Foster) pp. 97–102. Smithsonian Institution Press, Washington DC.
- Ministério do Meio Ambiente, 2015. Disponível em: www.mma.gov.br. acesso: 23 de agosto de 2015.
- Staden, Rodger; Judge, David P. & Bonfield, James K. 2003. *Analysing Sequences Using the Staden Package and EMBOSS. Introduction to Bioinformatics. A Theoretical and Practical Approach.* Eds. Stephen A. Krawetz and David D. Womble. Human Press Inc., Totawa, NJ 07512 Templeton, S. 2004. The vocabularyspelling connection: Orthographic development and morphological knowledge at the intermediate grades and beyond. In *Vocabulary instruction* (eds J. Baumann and E. Kameenui), pp. 118–138. New York: Guilford Press.
- Warren, D.L. & Seifert, S.N.. 2011. Environmental niche modeling in Maxent: the importance of model complexity and the performance of model selection criteria. *Ecological Applications* 21:335342.