

Projeto

Ecologia molecular das antastans da Serra do Mar

RELATÓRIO FINAL DE MONITORAMENTO – FEVEREIRO 2024

Sobre este relatório.

O presente relatório trimestral, elaborado pela equipe da VBIO, traz informações sobre a execução do projeto aqui apresentado. Este tem fins de prestação de contas e acompanhamento da evolução do projeto.

Estas informações representam a consolidação de dados coletados no período junto à Instituição Proponente, somados aos processos e as atividades monitorados pela VBIO ao longo da sua execução.

Estas informações, bem como este documento, são de circulação previamente acordada entre os participantes.

Equipe de Projetos VBIO

Mariana Giozza — Gestora de Projetos – mariana.giozza@vbio.eco

Alice Pisani — Analista de Projetos – alice.pisani@vbio.eco

Bruna Bet — Assistente financeira – bruna.bet@vbio.eco

Data da Publicação e Responsável Técnica

Mariana Giozza — Gestora de Projetos – mariana.giozza@vbio.eco

10 de outubro de 2023

Participantes.



LEGADO
DAS ÁGUAS
RESERVA VOTORANTIM

Apoiador

Legado das Águas

Responsável pelo aporte financeiro do projeto. Maior reserva privada de Mata Atlântica do Brasil, com 31 mil hectares, é reconhecida como Posto Avançado da Biosfera da Mata Atlântica, administrada pela Reservas Votorantim LTDA. e mantida pela Votorantim S.A.

www.legadodasaguas.com.br

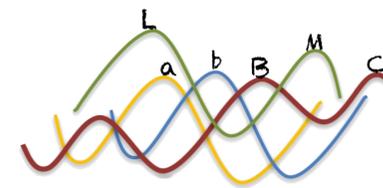


Proponente

Programa Grandes Mamíferos da Serra do Mar

Responsável pela execução do projeto, o programa surgiu da necessidade de promover uma agenda efetiva e integrada que pudesse conectar diferentes espaços territoriais, como unidades de conservação e comunidades locais, em prol da conservação da fauna silvestre na Serra do Mar.

www.instagram.com/grandesmamiferosdaserrado-mar/



Proponente

Laboratório de Biodiversidade Molecular e Conservação - UFSCar

Responsável pela execução do projeto, o LabBMC desenvolve estudos de Biologia Evolutiva, Genética de Populações e Genômica focados na Biodiversidade e sua Conservação. Está localizado no Departamento de Genética e Evolução, na UFSCar, campus São Carlos.

<https://labbmcufscar.wixsite.com/labbmc-ufscar>



Coordenação

VBIO

Responsável pelo monitoramento técnico e financeiro do projeto e comunicação corporativa, a VBIO é uma plataforma de bioeconomia que viabiliza projetos de valorização da biodiversidade brasileira.

www.vbio.eco

O Projeto.



Ecologia molecular das antas da Serra do Mar

A história das antas albinas e as ameaças para a conservação da espécie no Contínuo Ecológico de Paranapiacaba.

O Contínuo Ecológico de Paranapiacaba é formado por um conjunto de Áreas Protegidas públicas e privadas que, do ponto de vista conservacionista, está entre os remanescentes de Mata Atlântica mais importantes, devido à sua extensão, grau de conservação florestal e complexidade das comunidades animais e vegetais. Ao mesmo tempo, trata-se de uma das regiões que possuem o menor Índice de Desenvolvimento Humano Municipal (IDHM) do estado de São Paulo. Com isso, são frequentes as atividades humanas desordenadas e conflitantes com a conservação dos recursos naturais.

Mantido pela Reservas Votorantim, nesta região destaca-se um contínuo de mais de 30 mil hectares de Mata Atlântica localizado nos municípios de Juquiá, Miracatu e Tapiraí, em São Paulo, sendo a maior reserva da Mata Atlântica no Brasil e a maior reserva privada do bioma no Brasil, o Legado das Águas. Ali, são desenvolvidas diversas pesquisas científicas ligadas à conservação da fauna e flora, e uma das descobertas científicas mais interessantes realizadas foi a identificação do primeiro indivíduo albino de anta (*Tapirus terrestris*) em 2014, algo nunca antes visto no mundo.

O avistamento de antas albinas levantou algumas questões sobre a conservação dessa espécie, como a possibilidade de endocruzamento entre indivíduos. Isso ocorre quando as populações se encontram muito reduzidas ou isoladas, e pode impactar negativamente na conservação e sobrevivência da espécie. Com essa hipótese e para investigar as possíveis causas da aparição de antas albinas na região, foi desenvolvido o projeto Ecologia molecular das antas da Serra do Mar, com o objetivo de fazer uma avaliação genética de indivíduos que habitam na região para analisar o grau de parentesco entre as antas do Contínuo Ecológico de Paranapiacaba.

O projeto conseguiu, através da análise de 36 amostras coletadas (das quais 4 eram de animais albinos), determinar o grau de parentesco entre as antas amostradas. A análise apontou que os indivíduos albinos tinham um alto grau de parentesco, confirmando a hipótese inicial de que as populações de antas presentes no Contínuo se encontram reduzidas, onde indivíduos aparentados acabam reproduzindo entre si. A endogamia tem efeito negativo na conservação da espécie pela razão de que reduz a variabilidade genética das populações, o que diminui as chances de sobrevivência e resiliência dos indivíduos frente a impactos negativos no seu habitat.

Por ser uma espécie considerada chave na estrutura e função dos ecossistemas florestais em que ela habita, e principalmente por estarem presentes em uma região com diversas ameaças à sua conservação (como atividade humana, caça e presença de animais domésticos, o que aumenta a chance da transmissão de doenças entre os animais – uma situação altamente impactante para populações com a variabilidade genética reduzida), a conservação da espécie é necessária para a manutenção do ecossistema da região como um todo.

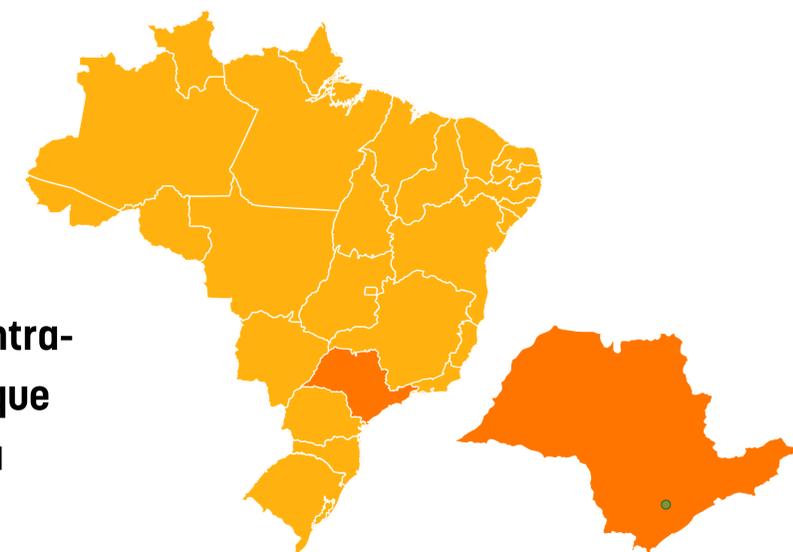
Com o resultado do projeto, será possível determinar diversas ações futuras que colaborem com a conservação das antas no Contínuo Ecológico, além de contribuir para o conhecimento científico da espécie, que é atualmente considerada ameaçada no Brasil. Além das análises genéticas, foi elaborado também um material educativo para a conscientização sobre a importância dessa espécie-chave da Mata Atlântica. Os resultados do projeto são cruciais para a elaboração de políticas e ações efetivas que atuem na conservação da espécie, e também na divulgação da sua importância na manutenção do ecossistema em que vive.

Ecologia molecular das antas da Serra do Mar



Contínuo Ecológico de Paranapiacaba

O Contínuo Ecológico de Paranapiacaba encontra-se na Serra do Mar, uma cadeia montanhosa que possui a maior extensão de Floresta Atlântica preservada no Brasil



Segundo o Portal da Reserva da Biosfera da Mata Atlântica, a Serra de Paranapiacaba é uma área singular para a conservação da biodiversidade, mas que convive há anos com a ocupação humana desordenada, levando à perda de cobertura vegetal, descarte incorreto de resíduos, atividades ilegais como caça e extração de palmito-juçara.

Esses conflitos são reflexo do convívio depredatório que o bioma Mata Atlântica vem sofrendo a vários anos, comprometendo o equilíbrio ambiental e os serviços ecossistêmicos que provêm sustento para boa parte da população.

Segundo o plano de manejo do Parque Estadual da Serra do Mar, a região possui 1.523 espécies de animais e cerca de 1.500 tipos de plantas registrados, abrigando animais em risco de extinção no país, como o macaco-prego, o bicho-preguiça e a anta.

As principais ameaças à fauna nativa da região são a caça, ataque por animais domésticos, atropelamento e conflitos em área produtiva.



Foto: Gabriel Marchi



A anta.

“A anta é um animal símbolo da nossa biodiversidade e exerce importantes funções no ecossistema, mesmo assim, encontra-se vulnerável à extinção. A possibilidade de usar ferramentas moleculares para melhor compreender aspectos da ecologia e genética das populações na Mata Atlântica representa uma grande oportunidade. A partir desse diagnóstico, será possível elaborarmos estratégias mais eficazes para o manejo e conservação da espécie na Serra do Mar, contribuindo assim com a manutenção da população a longo prazo.”

Bruno Saranholi, responsável técnico do projeto

Cronograma.



Objetivo Específico	Atividades	1º trim.	2º trim.	3º trim.	4º trim.
		jan/mar	abr/jun	jul/set	out/dez
OE 1. Analisar o grau de parentesco entre os indivíduos albinos e não albinos	Aquisição de materiais para análise	●	●	●	●
	Elaboração de folder com procedimento para coleta	●	●		
	Organização das amostras biológicas	●	●	●	●
	Extração do DNA das amostras biológicas obtidas		●		
	Amplificação dos locus de microssatélites			●	●
	Genotipagem			●	●
	Análise dos dados para o parentesco			●	●
Monitoramento	Monitoramento trimestral de indicadores e prestação de contas	●	●	●	●

Agenda 2030 | ODS 15*

Alinhado com as metas globais da Agenda 2030, o Projeto “Ecologia molecular das antas da Serra do Mar” apresentou **100%** das etapas concluídas para concretizar sua contribuição com o Objetivo do Desenvolvimento Sustentável 15 “Proteger, restaurar e promover o uso sustentável dos ecossistemas terrestres, gerir de forma sustentável as florestas, e travar a perda da biodiversidade”.

OBJETIVOS
DE DESENVOLVIMENTO
SUSTENTÁVEL



Atividades desenvolvidas.



Atividade 1. Aquisição de materiais

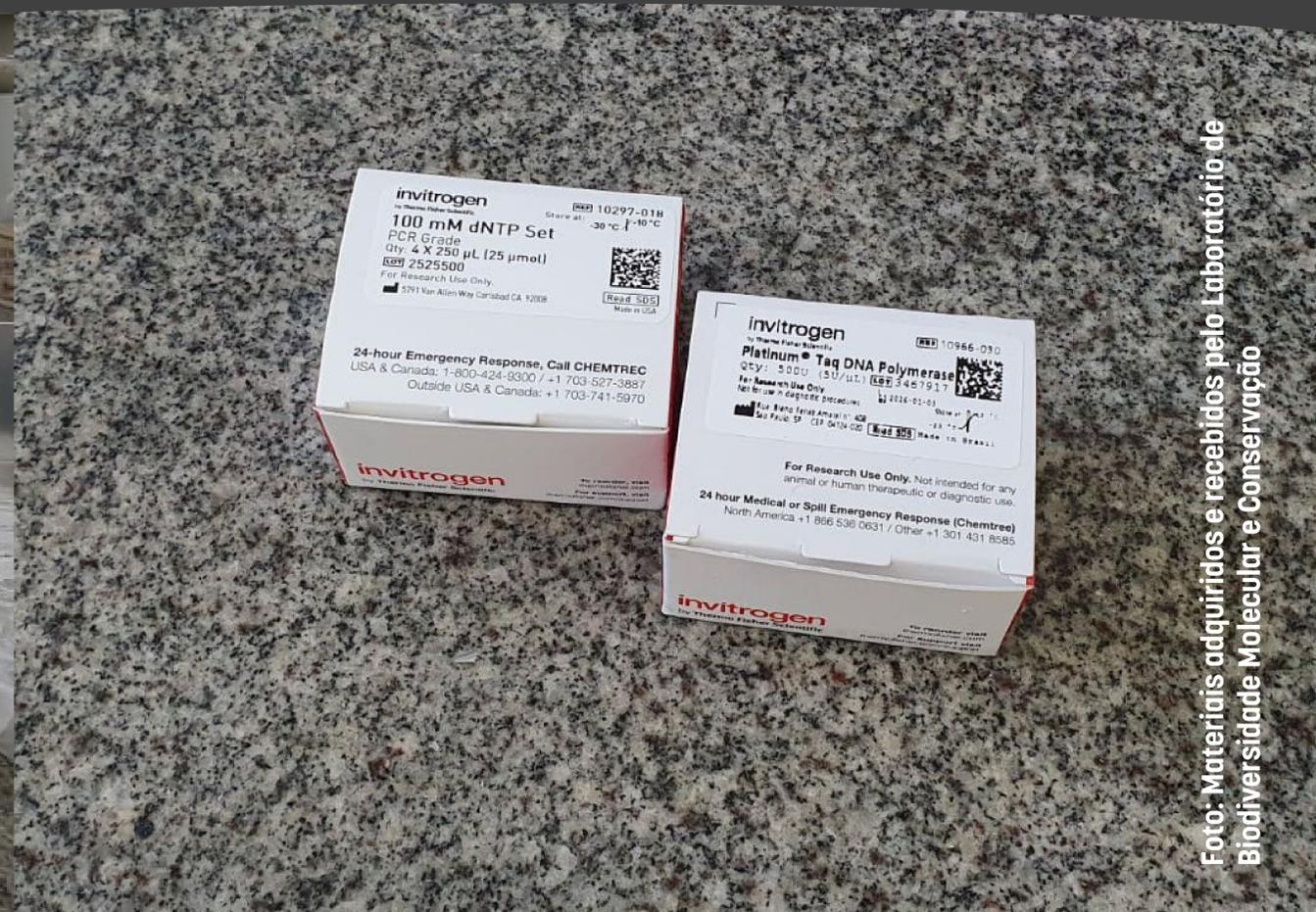
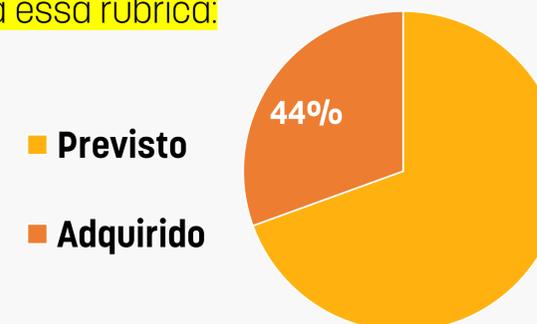


Foto: Materiais adquiridos e recebidos pelo Laboratório de Biodiversidade Molecular e Conservação

A primeira atividade do projeto é destinada para a tomada de preços de materiais e insumos necessários para as análises laboratoriais que serão executadas.

No mês de janeiro de 2023 foram levantados três (03) orçamentos ([link](#)) para a aquisição de materiais consumíveis plásticos (microtubos e ponteiras) necessários para organizar as amostras em laboratório, optando-se por fechar com a empresa NeoLab. Já em junho de 2023, foram adquiridos reagentes para realizar as extrações de DNA e amplificação dos locus de interesse (DNTP e enzima Taq Polimerase), da empresa Life Tech.

Essas aquisições correspondem a 44% (R\$ 2.901,38) do orçamento destinado para essa rubrica:



Atividades desenvolvidas.

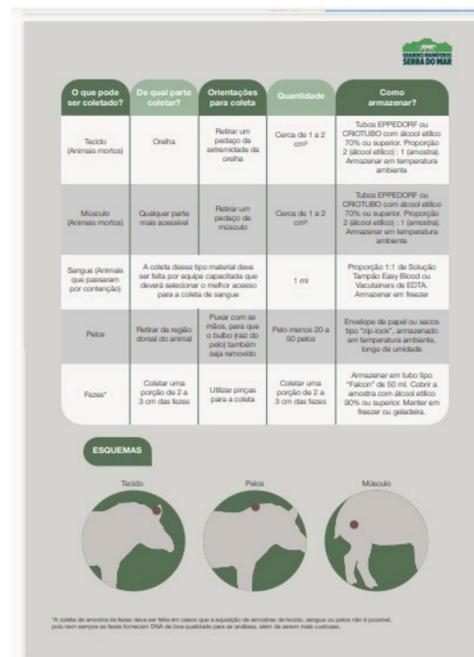


Atividade 2. Elaboração de folder com procedimento para coleta

A principal fonte de dados biológicos para o desenvolvimento das pesquisas realizadas pelo Programa Grandes Mamíferos da Serra do Mar vem de amostras coletadas em carcaças de animais encontrados pela população. Por isso, uma das atividades do projeto é a elaboração de um folder informativo ([link](#)), baseado no protocolo técnico já estabelecido pelo LabBMC sobre os passos que devem ser seguidos para a coleta de material biológico de mamíferos silvestres.

O objetivo do folder é tornar a informação mais acessível para o público de interesse, como gestores de Unidades de Conservação, órgãos públicos e pesquisadores, trazendo dados sobre os materiais necessários para realizar a coleta de material biológico, e a importância da sua limpeza para evitar contaminação da amostra. Além disso, indica dados importantes de serem registrados, como a data e local da coleta, e características do indivíduo amostrado (sexo, faixa etária, qual o tipo de amostra), que tipo de material pode ser coletado, a quantidade e o processo de armazenamento e manejo.

Esse material está disponível no website do projeto (<https://www.vbio.eco/projeto-ecologia-molecular-das-antas>).



Atividades desenvolvidas.



Atividade 2. Elaboração de folder com procedimento para coleta

O folder também foi divulgado para grupos de pesquisa, gestores de Unidades de Conservação e colaboradores na região, e já resultou em novos contatos, como:

- **Projeto Onças do Iguaçu, em Foz do Iguaçu;**
- **Patrícia Meb do Instituto Carlos Augusto Bittencourt, uma iniciativa do Ipê, e da Rede de Ecologia de Estradas e Transportes.**

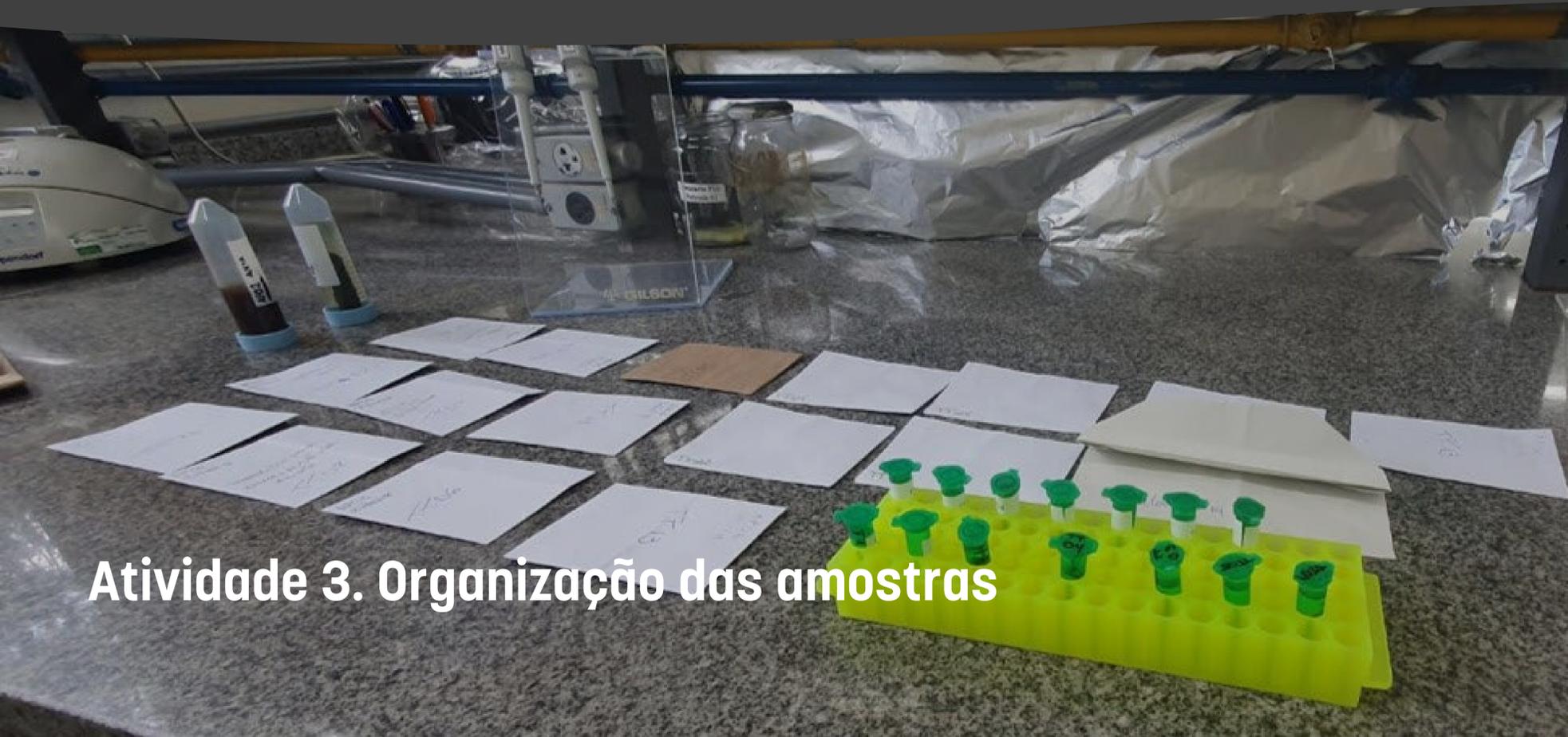
Além dessas interações, no mês de setembro o laboratório recebeu duas (02) amostras adicionais da região do Parque Estadual da Serra do Mar (Núcleo Santa Virgínea) provenientes de animais atropelados através de parceria formada com a divulgação do protocolo de coleta.

Como essas amostras ficam mais distantes das demais, elas foram utilizadas de forma comparativa para demonstrar as diferenças genéticas entre populações mais distantes, passando pelos mesmos processos que as demais.

Me proteja! Sou um importante dispersor de sementes, que promove a regeneração florestal e a diversidade de espécies na Mata Atlântica.



Atividades desenvolvidas.



Atividade 3. Organização das amostras



As atividades de laboratório começaram com o levantamento das amostras biológicas disponíveis para as análises, em janeiro de 2023. Até o final do 3º trimestre foram obtidas 36 amostras, sendo três (03) referentes a dois (02) indivíduos albinos, e dois (02) provenientes de uma anta grávida e seu feto.

No dia 22 de fevereiro de 2023, as amostras biológicas foram enviadas pelo Instituto Manacá e já se encontram disponíveis no laboratório LAbBMC.

Dos materiais biológicos disponíveis, 22 são provenientes de pelos, 17 são de tecido como orelha e barriga, nove (09) de ossos, dois (02) de sangue, dois (02) de músculo e um (01) de parasita, sendo que para uma mesma amostra (indivíduos) pode haver material disponível de mais de uma fonte.

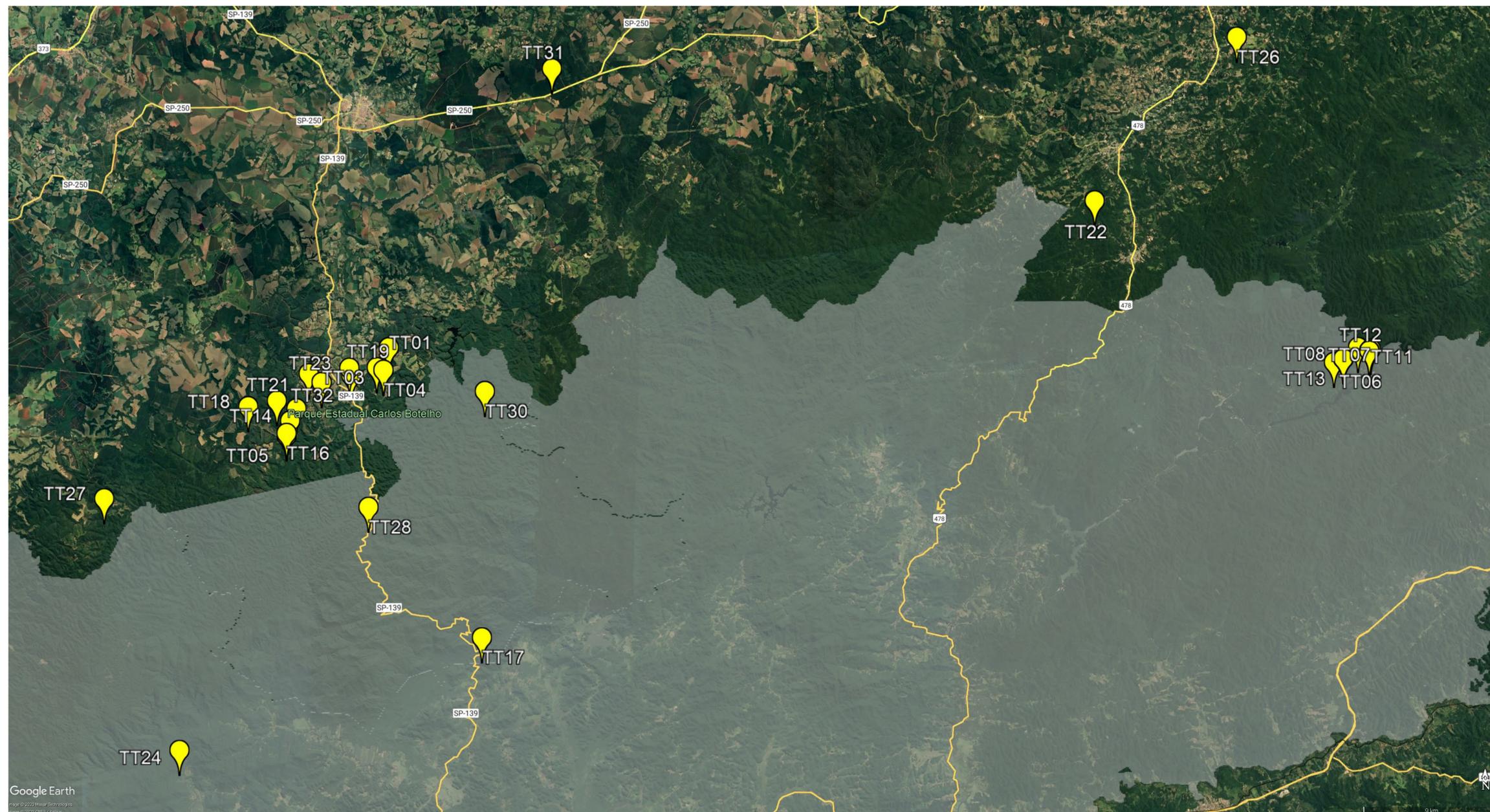
Atividades desenvolvidas.



A Tabela traz os dados referentes às 36 amostras obtidas. A planilha será atualizada conforme novas amostras possam ser obtidas.

ID	Data de coleta	Coordenadas (UTM)	Material	Idade	Sexo
TT01	07/10/2014	23 J 197068 7338956	Esqueleto	Adulta	Fêmea
TT02	2017	-	Crânio	NI	-
TT03	11/04/2017	22 J 802977 7336715	Tecido orelha	Filhote	Fêmea
TT04	26/06/2017	23 J 196771 7337501	Pelo, tecido orelha, esqueleto e parasita	Adulta	Fêmea
TT05	14/08/2017	22 J 800680 7333348	Crânio e tecido barriga	Adulto	NI
TT06	27/10/2019	23 J 260528 7340196	Pelo	NI	-
TT07	09/10/2019	23 J 259828 7340406	Pelo	NI	-
TT08	27/10/2019	23 J 258875 7339646	Pelo	NI	-
TT09	27/10/2019	23 J 258875 7339646	Pelo	Adulta	Fêmea
TT10	27/10/2019	23 J 258273 7339406	Pelo	NI	-
TT11	13/11/2019	23 J 260621 7340303	Pelo	NI	-
TT12	13/11/2019	23 J 260528 7340196	Pelo	Adulta	Fêmea
TT13	12/11/2019	23 J 258875 7339646	Pelo	Adulta	Fêmea
TT14	25/04/2019	22 J 0800924 7334291	Pelo e tecido orelha	Adulto	Macho
TT15	21/06/2019	22 J 802142 7337295	Tecido pata	Adulto	NI
TT16	02/07/2019	22 J 800680 7333497	Tecido orelha	Adulto	NI
TT17	04/05/2020	23 J 203385 7320384	Pelo, tecido orelha e crânio	Adulto	NI
TT18	24/07/2020	22 J 798231 7335259	Pelo, tecido orelha e crânio	Adulto	NI
TT19	09/2020	23 J 196330 7337658	Pelo	NI	NI
TT20	07/12/2020	22 J 801325 7335065	Crânio	Adulto	NI
TT21	23/03/2021	22 J 800085 7335594	Tecido orelha	NI	NI
TT22	23/03/2021	23 K 242376 7349373	Pelo	Adulto	NI
TT23	11/04/2021	22 J 804803 7337598	Pelo, tecido orelha e crânio	Adulto	Macho
TT24	14/04/2021	22 J 793008 731312	Pelo	Adulto	NI
TT25	11 e 22/04/2021	-	Pelo	Filhote	NI
TT26	11 e 22/04/2021	23 K 251276 7360039	Pelo	Filhote	NI
TT27	24/07/2021	22 J 788760 7329540	Tecido orelha	Adulto	NI
TT28	09/10/2021	23 J 196004 7328695	Tecido orelha	Adulto	NI
TT29	30/09/2021	-	Pelo e tecido orelha	NI	NI
TT30	06/02/2021	23 J 203346 7336289	Tecido orelha	NI	NI
TT31	05/07/2022	23 K 207198 7357071	Pelo e tecido orelha	Adulto	Macho
TT32	28/01/2020	22 J 804924 7337118	Crânio	Adulto	Macho
TT33	04/02/2023	-	Pelo, tecido orelha e sangue	Adulta	Fêmea
TT34	04/02/2023	-	Pelo, tecido orelha e sangue	Feto	-
TT35	25/02/2023	-	Músculo	Jovem	Macho
TT36	14/06/2023	-	Músculo	Jovem	Macho

Pontos de coleta das amostras.



Atividades desenvolvidas.



Atividade 4. Extração de DNA das amostras

Em abril de 2023, começaram a ser realizadas as análises laboratoriais, que consistem na retirada de alíquotas de tecidos das primeiras 34 amostras biológicas obtidas, e início das extrações de DNA. As duas (02) novas amostras obtidas em julho já passaram por este mesmo processo.

A extração de DNA é um procedimento fundamental na área da biologia molecular, permitindo aos pesquisadores obterem o material genético presente nas células de um organismo. O processo é relativamente simples e envolve algumas etapas-chave:

1. Primeiro, as células das amostras são rompidas para liberar o DNA, utilizando substâncias químicas e a aplicação de calor;
2. O DNA é então precipitado, formando uma espécie de fio branco, visível a olho nu;
3. Esse material é recolhido e pode ser utilizado em diversas aplicações científicas, como análises genéticas, sequenciamento e engenharia genética.

O resultado alcançado com a extração de DNA é a obtenção do material genético purificado, pronto para ser utilizado em pesquisas e análises. Esse material é extremamente valioso para os cientistas, pois permite estudar os genes e entender como funcionam os processos biológicos.



Fotos: Retirada de alíquota de tecido de amostra biológica e extração de DNA, com material precipitado no fundo da pipeta.

[Clique aqui para ver o vídeo.](#)

Atividades desenvolvidas.



Atividade 5. Amplificação dos locus de microssatélites

Fotos: Pesquisador Bruno Saranholi, em procedimento de amplificação dos locus de microssatélites

Também já foram realizadas as primeiras amplificações dos locos de microssatélites para padronização das amostras. A amplificação é feita por PCR (Reação em Cadeia da Polimerase), sendo que cada amostra foi amplificada de 9 a 12 vezes. Esse é um procedimento essencial que possibilita a obtenção de múltiplas cópias de um segmento específico de DNA, permitindo o estudo e análise de regiões específicas do genoma com maior sensibilidade e precisão. Ela desempenha um papel crucial na pesquisa genética e contribui para o avanço do conhecimento sobre a estrutura e função do DNA.

A técnica de PCR envolve algumas etapas-chave, como:

1. Identificação da região específica do DNA que se deseja amplificar (locos de interesse);
2. Preparação dos reagentes contendo o DNA alvo e enzimas especiais;
3. Ciclo de aquecimento e resfriamento, o que resulta na duplicação exponencial do segmento de DNA desejado.



Atividades desenvolvidas.

10.10.2023

O DNA extraído e amplificado pode ajudar a obter informações como distância genética e parentesco para as populações de anta. Isso permite comparar a genética de indivíduos de áreas distintas e ver se estes são geneticamente semelhantes ou diferentes, demonstrando se as populações estão isoladas ou reduzidas, e qual a relação com os casos de albinismo.

Atividades desenvolvidas.

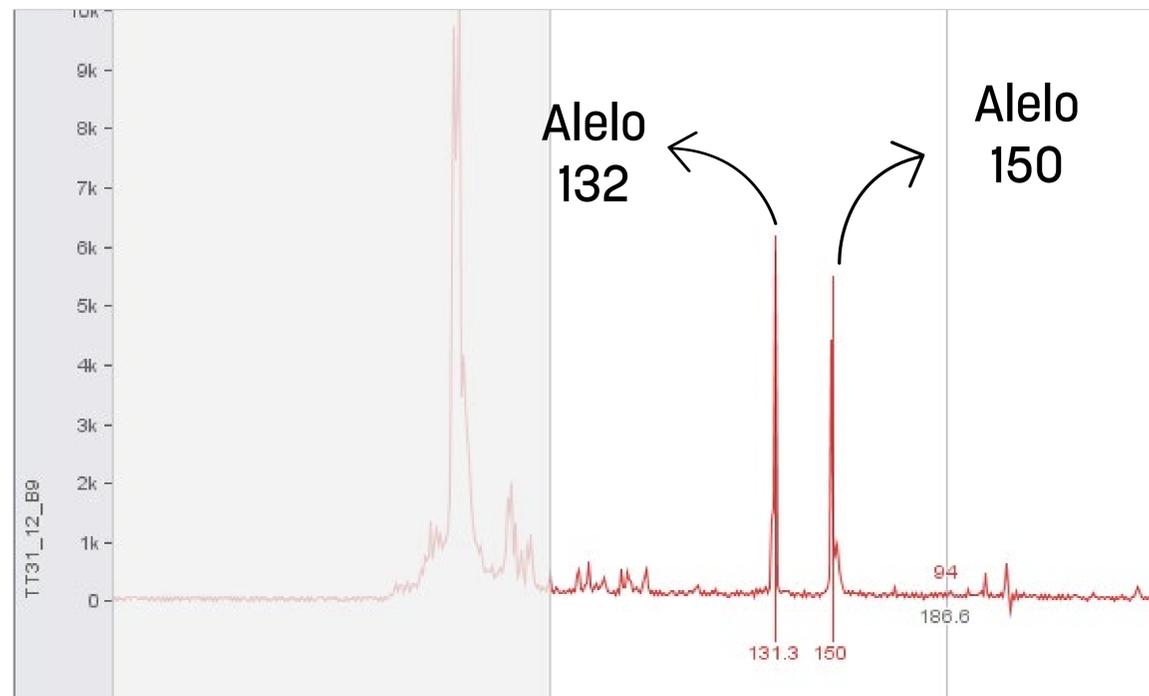


Atividade 6. Genotipagem

A genotipagem é um processo que permite determinar a composição genética de um organismo, especificamente as variantes genéticas presentes em seu DNA. Essas variantes podem estar associadas a características físicas, predisposições a doenças e muitas outras informações importantes sobre um indivíduo.

Existem várias técnicas para isso, a mais comum é a utilização de microarranjos de DNA ou sequenciamento de nova geração (NGS). Ambas as técnicas permitem identificar as letras do código genético [A, T, C e G] em locais específicos do DNA. O sequenciamento das amostras obtidas pelo projeto foi realizado pelo sequenciador Mega Bace Illumina.

Todas as 36 amostras obtiveram seu DNA extraído, sendo que destas, 28 apresentaram qualidade para obtenção de genótipos de parentesco, das quais, quatro (04) eram de indivíduos albinos.



Genotipagem da amostra TT31 amplificada com o locos de microsatélite Tter12

Os picos representam os alelos detectados nesse locos para a amostra TT31: Alelos 132 e 150.

Nesse exemplo, a amostra é **heterozigota**, pois dois alelos diferentes foram detectados. Esse procedimento é feito para todas as amostras para o conjunto de locos proposto.

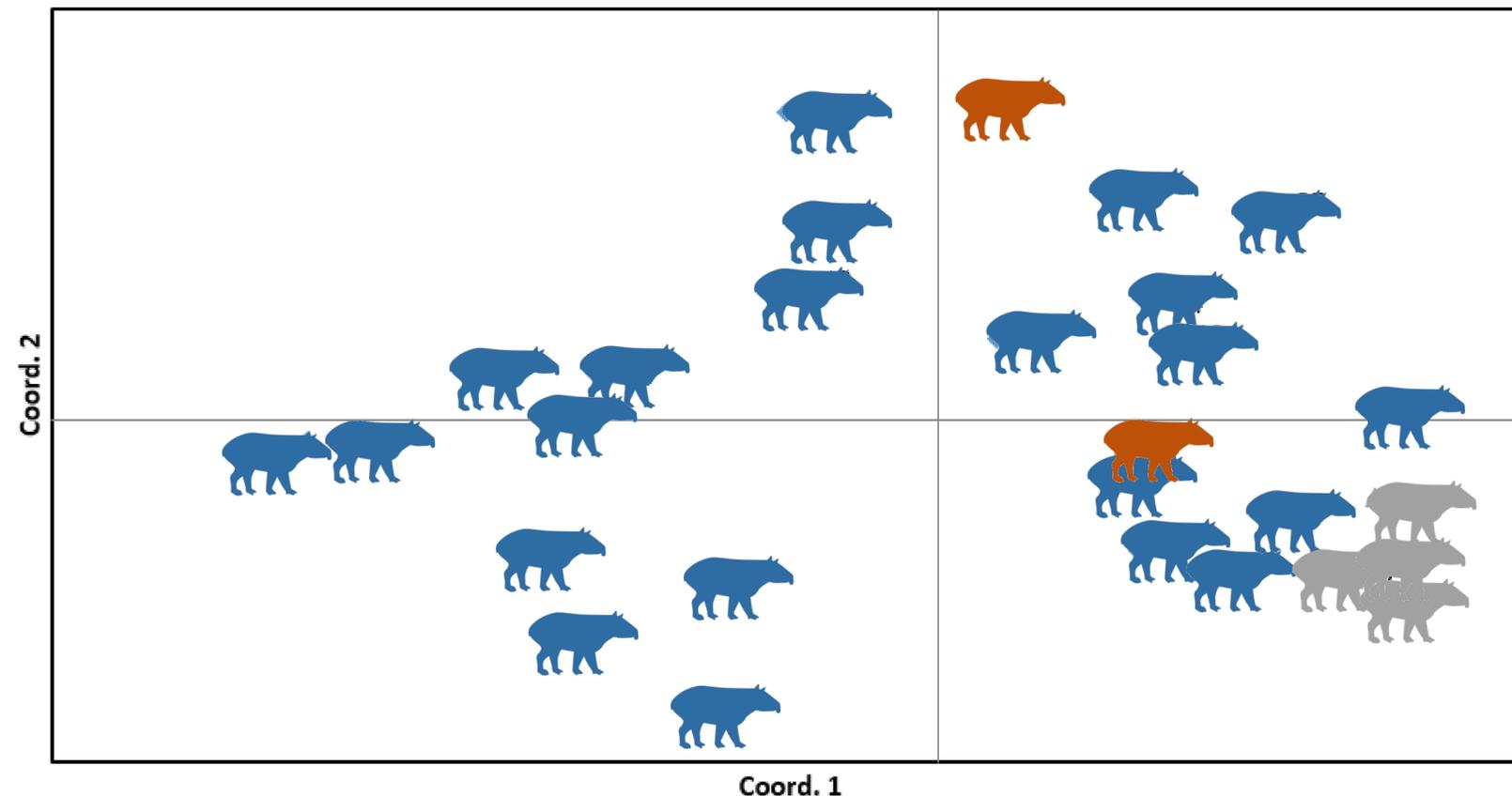
Atividades desenvolvidas.



Atividade 7 . Análise dos dados para o parentesco

Depois da genotipagem do DNA, pode-se obter um conjunto de informações sobre as variantes genéticas presentes nos indivíduos amostrados. Por meio de análises de composição genética, pode-se ter um retorno sobre a distância de parentesco dos indivíduos, e assim, é possível começar a detectar grupos distintos. O gráfico abaixo de Análise de Coordenadas Principais (PCoA) ilustra as distâncias genéticas entre os 28 indivíduos analisados, separados por cores em 3 populações.

Principal Coordinates (PCoA)



Os albinos (cinza) formam um grupo, mostrando que eles são geneticamente muito próximos, o que confirma a hipótese de que eles são muito aparentados. Outros indivíduos não albinos (azul + laranja) também tem um parentesco, sendo próximos entre si e próximos aos albinos, o que revela uma relação de parentesco entre esses grupos. Assim, outros indivíduos mais dispersos no gráfico, ou seja, geneticamente mais distantes, apresentam um grau de parentesco menor.

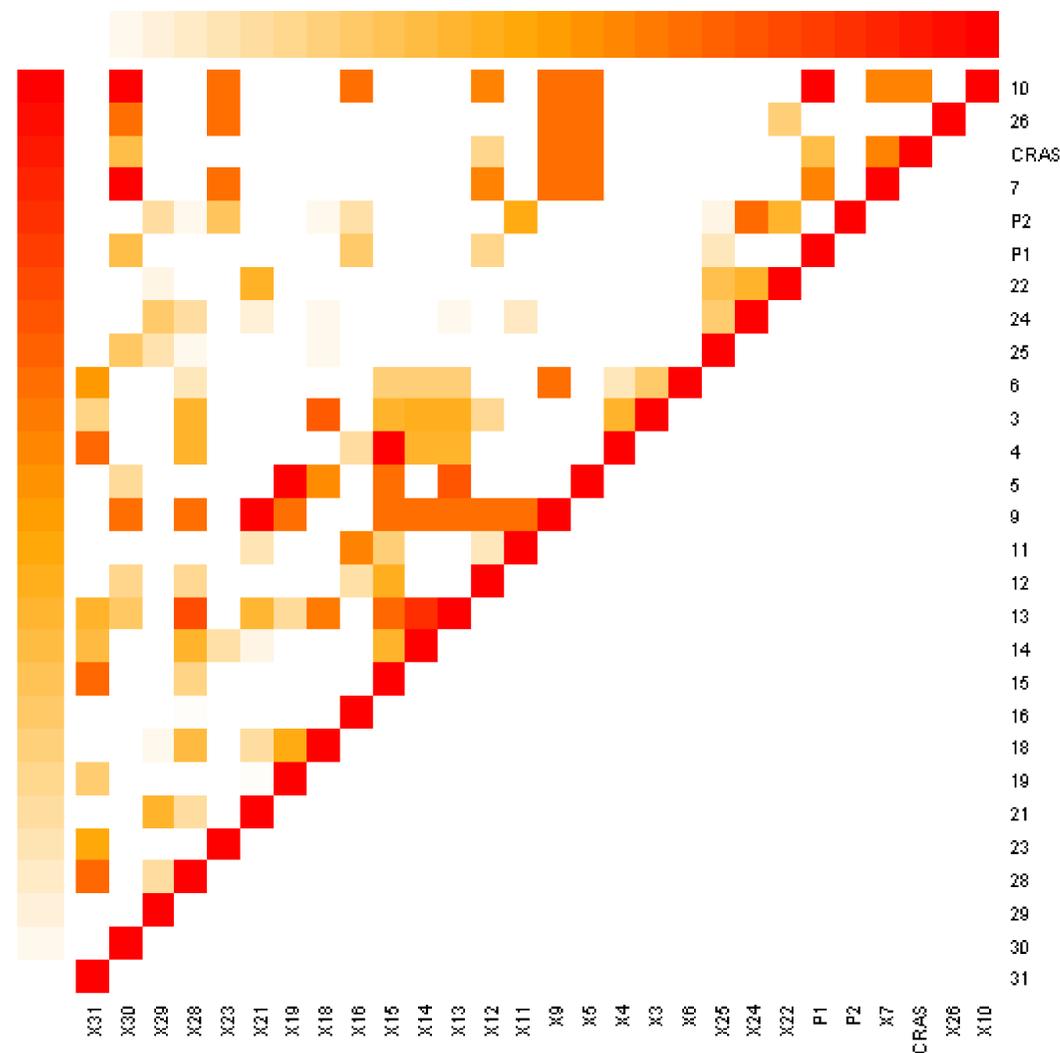
Em laranja estão os dois indivíduos obtidos por último, que não estão no contínuo e ficam localizados bem distantes geograficamente da área do Legado. Esses, foram incluídos pra avaliar se a diversidade do contínuo abraça a diversidade da serra do mar. Observando que os pontos estão dentro dessa nuvem de amostras, as diversidade genéticas estão representadas dentro do contínuo, o que indica um fluxo gênico entre o contínuo e a Serra do Mar.

-  Indivíduos não albinos
-  Parque Estadual da Serra do Mar
-  Indivíduos albinos

Atividades desenvolvidas.



Atividade 7 . Análise dos dados para o parentesco



O gráfico ao lado representa uma comparação par a par, no qual os códigos das amostras se repetem em ambos eixos. Assim, quanto mais intensa a cor, mais aparentado os indivíduos são segundo o índice de parentesco (Maximum Likelihood Relatedness), sendo que indivíduos mais aparentados entre si formam quadrados nas cores laranja a vermelho e menos aparentados em cores mais claras. O gráfico ilustra que alguns indivíduos são mais aparentados, da mesma forma que outros possuem baixo grau de parentesco, sendo provavelmente indivíduos emigrantes, sendo estes importantes para manter fluxo gênico na área.

Atividades desenvolvidas.



Atividade 7 . Análise dos dados para o parentesco

Para mensurar os graus de parentescos demonstrados pelos gráficos são considerados alguns índices de diversidade genética, sendo os mais importantes: **H0**: Heterozigosidade observada; **HE**: Heterozigosidade esperada; **F**: Coeficiente de endocruzamento (vai de -1 a +1, sendo número positivos uma indicação de tendência a endogamia).

Projeto atual

Valores	H0	HE	F
Média	0,362	0,762	0,548
Desvio padrão	0,066	0,037	0,079



Projeto prévio (Amostras exclusivas do Corredor da Serra do Mar)

População	Valores	H0	HE
Costal	Média	0,45	0,78
	Desvio padrão	0,12	0,07
Interior	Média	0,50	0,64
	Desvio padrão	0,17	0,13

Esses valores (principalmente H0), no geral, são menores do que os valores encontrados para a Serra do Mar es estudo prévio. O que significa que a diversidade genética dessa população que abrange a região do contínuo tem uma diversidade genética menor do que aquela observada em análise espacial mais ampla.

Estes resultados apresentam uma questão ecológica na qual os indivíduos albinos, por serem mais aparentados, puxam o valor de diversidade para baixo, apresentando um índice de diversidade mais baixo do que o esperado para a região.



“O projeto é um importante passo na geração de conhecimento aplicado à conservação da espécie no maior contínuo de Mata Atlântica, potencializado por grandes profissionais e instituições de peso. É uma honra para o Legado das Águas apoiar esta iniciativa!

O profissionalismo da equipe e do sistema VBIO contribuiu com a ótima experiência no acompanhamento deste projeto. Vida longa às parcerias pela ciência e conservação da biodiversidade!”

Bianca Marinata, Analista socioambiental do Legado das Águas.



01

Folder de coleta elaborado.

Dentre os produtos do projeto está a elaboração do folder com procedimentos de coleta de análises biológicas que foi divulgado em redes sociais.

120%

Das amostras de DNA analisadas

A previsão de 30 amostras foi superada, e hoje o projeto conta com 36 amostras que foram analisadas.

04

Amostras de antas albinas analisadas

Das 36 amostras obtidas, quatro (04) pertenciam a indivíduos albinos, essenciais para atender aos objetivos do projeto.

09

Locos por amostra amplificados nas análises

Afim de padronizar as amostras para as análises de genotipagem, cada amostra passou por esse processo nove (09) vezes.

Aprendizados



O projeto Ecologia Molecular das Antas da Serra do Mar passou por diversos desafios que foram superados e muitos aprendizados que foram adquiridos nesse processo. Dentre as atividades desenvolvidas, alguns desafios e aprendizados que devem ser considerados foram:

- **Qualidade das amostras:** Durante a execução das análises, a equipe enfrentou uma das principais dificuldades práticas ao lidar com o material genético proveniente de algumas amostras mais desafiadoras, especialmente dos exemplares albinos, cujas amostras eram obtidas a partir de pelos coletados em armadilhas. Conscientes de que o trabalho com esse tipo de amostra apresenta obstáculos para a obtenção de DNA de alta qualidade, utilizaram o que tinham disponível para o projeto. Para otimizar futuros resultados, consideraram que trabalhar com amostras sanguíneas representaria uma abordagem mais eficaz.
- **Literatura pioneira na área de estudo:** O projeto proporcionou à equipe uma oportunidade única de analisar a genética dessa emblemática espécie da biodiversidade. Notavelmente, pela primeira vez na literatura científica, conseguiram analisar dados genéticos de indivíduos albinos. Até então, apenas um estudo havia explorado dados genéticos populacionais da espécie na Serra do Mar (Saranholi et al. 2022). Contudo, o projeto "Ecologia Genética e Molecular das Antas da Serra do Mar" destacou-se como o primeiro a realizar análises de ecologia molecular em uma escala mais refinada. Além disso, foi pioneiro na análise de informações genéticas populacionais específicas para os indivíduos albinos. Esses dados adquiridos são de importância fundamental para ações de conservação, permitindo o monitoramento a longo prazo dessa população.



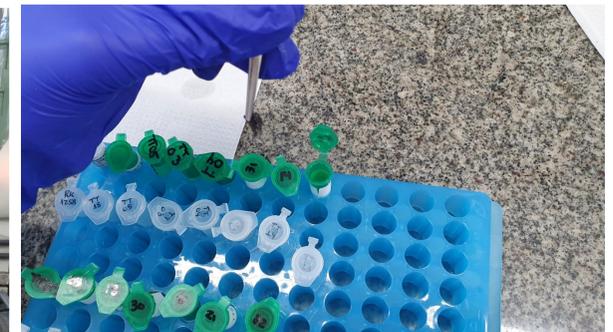
Fotos: Luciano Candisani

Oportunidades



O projeto também abriu diversas oportunidades de expansão e desenvolvimento com os resultados alcançados. Dentre as principais oportunidades que surgiram estão:

- **Ampliação de amostras analisadas:** O monitoramento das informações genéticas é algo essencial para continuar contribuindo com a conservação da espécie. Antes do projeto as informações genéticas obtidas nesse nível populacional para os indivíduos albinos e não albinos eram inexistentes para a área estudada. Assim, os dados obtidos permitiram gerar discussão úteis para a conservação da espécie, assim como despertaram ainda mais a necessidade de monitoramento dessa população. Os registros de indivíduos albinos na região é algo que ainda continua chamando muito a atenção. Com isso, continuar analisando os indivíduos (albinos e não albinos) dessa região seria de fundamental importância.
- **Campanhas de captura:** Considerando as dificuldades na obtenção de material genético de qualidade e os resultados obtidos até o momento, uma oportunidade de expansão do projeto seria a inclusão de recursos para a realização de campanhas de captura. Essas campanhas permitiriam a obtenção de amostras de melhor qualidade, como o sangue, o que teria facilitado substancialmente as atividades. Amostras desse tipo também abririam novas possibilidades para a condução de estudos genômicos mais aprofundados.
- **Novos contatos:** A elaboração do folder, além de produzir um material aplicável para a obtenção de amostras e fornecer um produto de valor científico, possibilitou a divulgação das atividades do projeto e a criação de contatos para futuras colaborações, tanto em trabalhos relacionados às antas quanto a outras espécies de mamíferos.

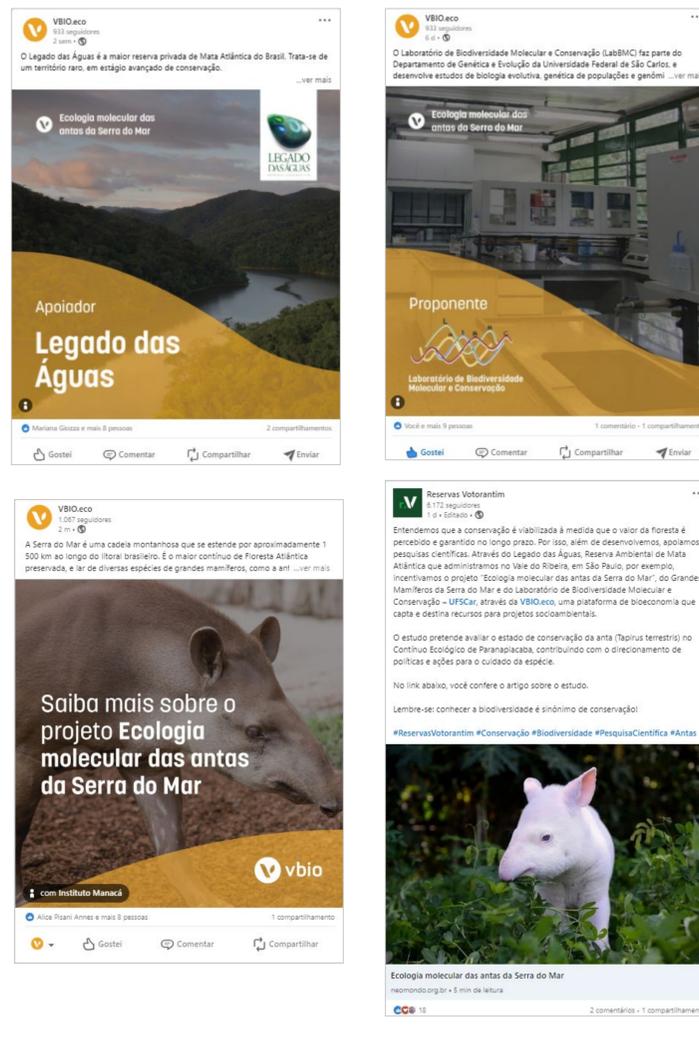
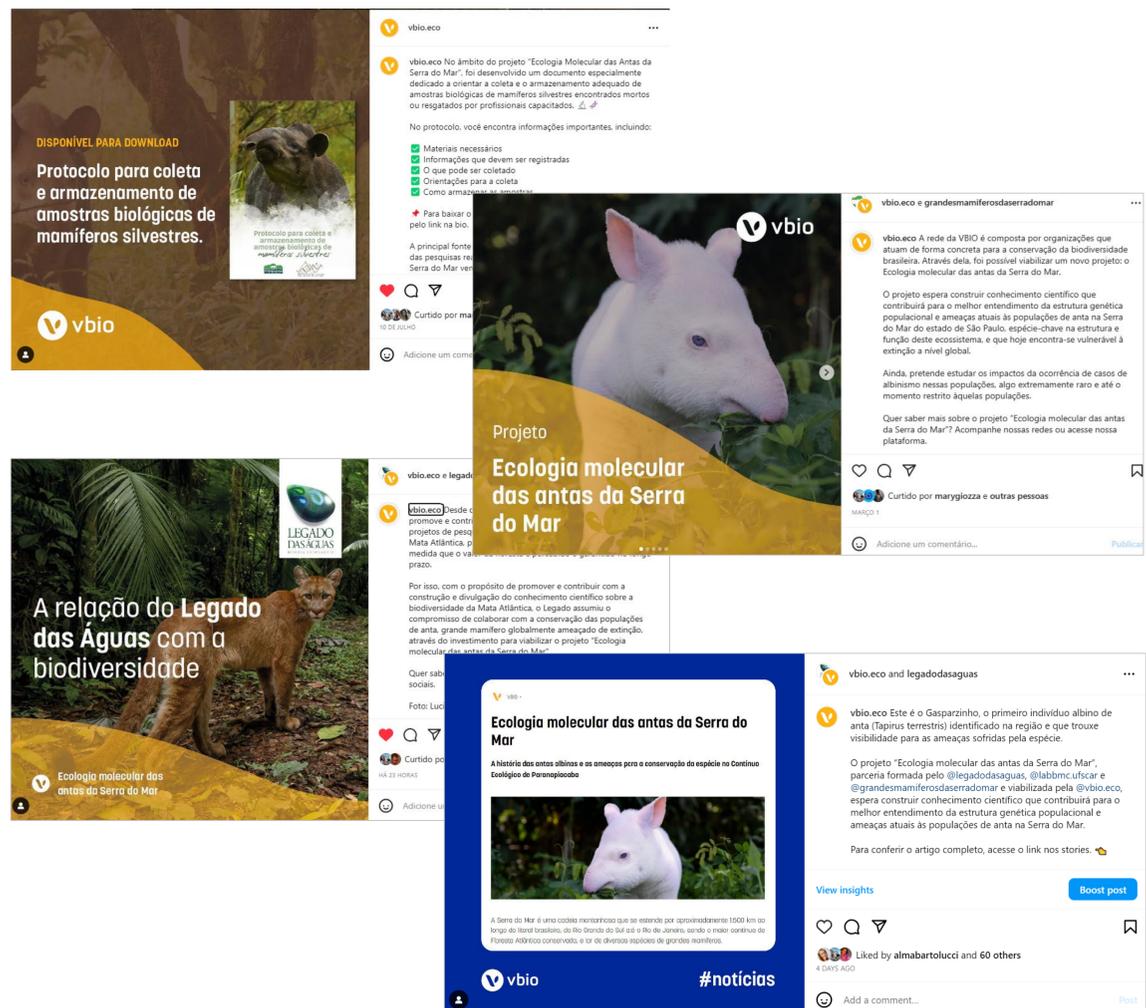


Comunicação.



Até o final do 3º trimestre do projeto, foram nove (10) peças de comunicação elaboradas e divulgadas, dentre e-mail, posts nas redes sociais (Instagram e LinkedIn) e artigos. Estes geraram mais de 684 interações com o público.

Também foi lançado o website do projeto (<https://www.vbio.eco/projeto-ecologia-molecular-das-antas>).



Para mais informações, por favor entre em contato.

Mariana Giozza

mariana.giozza@vbio.eco

Disclaimer.

As informações aqui contidas, bem como as opiniões expressas, são as da VBIO no momento da publicação e podem sofrer alterações a qualquer momento, sem aviso prévio.

Todas as informações deste perfil são fornecidas apenas para fins informativos e destinam-se exclusivamente ao uso dos participantes. Este relatório não representa uma demanda, oferta ou recomendação do VBIO participar de uma estratégia de negociação específica.



www.vbio.eco, a vitrine da biodiversidade brasileira.