

| biologia |

Caio Albuquerque | Jornalista da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ

Genética preserva jacarés



A constante perda da diversidade biológica frente às pressões da atividade humana tem concentrado atenções sobre a necessidade de se conhecer a diversidade genética de determinadas espécies como um primeiro passo para o desenvolvimento de estratégias de manejo. O Laboratório de Ecologia Animal e o Laboratório de Biotecnologia Animal da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ) da USP, em Piracicaba, vêm, de forma interdisciplinar, coordenando esforços para contribuir com o estudo da biologia, manejo e conservação de crocodilianos brasileiros. A pesquisa envolveu seis espécies de jacarés, de vários locais do País.

A bióloga Priscilla Villela trabalhou com as seis espécies de jacarés que existem no Brasil: jacaré-paguá (*Paleosuchus palpebrosus*), jacaré-coroa (*Paleosuchus trigonatus*), jacaré-açu (*Melanosuchus niger*), jacaré-tinga (*Caiman crocodilus*), jacaré-do-pantanal (*Caiman yacare*) e o jacaré-de-papo-amarelo (*Caiman latirostris*). De acordo com a pesquisadora, o sequenciamento de DNA, aliado à análise de sequências microssatélite, geram informações potencialmente capazes de evidenciar a variação contida entre os animais. “Esta é uma ferramenta excelente para ser utilizada em análise filogenética, diferenciação interespecífica e intraespecífica”, afirma.

Em alguns casos, a identificação das peles pode ser feita pelo padrão de manchas e pelo seu relevo. No entanto, em outras situações, como na comercialização da carne, essa identificação não é tão simples. Nesses casos, marcadores moleculares podem ser de extrema valia, pois permitem a identificação não ambígua mesmo de produtos industrializados. No intuito de diferenciar as seis espécies de crocodilianos brasileiros, foram construídos primers que amplificam 357 pares de bases do Citocromo b, que é considerada uma região conservada do DNA mitocondrial. Foi realizado a amplificação e o sequenciamento de 20 animais de cada espécie, de distribuição diferente.

Desse modo, foi desenvolvida uma técnica com um banco de dados com fragmentos de DNA para a identificação molecular das seis espécies brasileiras de crocodilianos. Esta técnica além de importante na identificação das espécies servirá para o Instituto Brasileiro do Meio Ambiente e dos Recursos Naturais Renováveis (IBAMA) e Polícia Federal colocarem em prática uma técnica forense, coletando na natureza, ou em um restaurante, um pedaço de carne de jacaré e, a partir daí, identificar a espécie e origem dessa carne, o que pode combater a comercialização fraudulenta, servindo como metodologia oficial de controle da comercialização e exportação de carne e couro de jacaré no Brasil.

Além da preocupação forense, foi analisada a estrutura genética de populações selvagens do jacaré-de-papo-amarelo, a única espécie que ocorre no Estado de São Paulo e que apresenta a maior distribuição entre todos os crocodilianos. Desde 2004, a bióloga percorreu pontos extremos da distribuição de jacarés no País. Trabalhou no banhado do Taim, uma estação ecológica composta de lagoas e banhados costeiros situada ao Sul do Rio Grande do Sul. No Rio Grande do Norte, as análises ficaram centradas em Natal. A Leste, pesquisou animais na Ilha do Cardoso, no litoral Sul do Estado de São Paulo. Como referência a Oeste, os estudos foram realizados na região de Bonito (Mato Grosso do Sul) e, a distribuição central focou a região de Piracicaba. Neste estudo foram utilizados 12 marcadores microssatélites em 200 animais de 11 populações naturais e uma população mantida em cativeiro na ESALQ.

“Era preciso avaliar a variabilidade genética das populações naturais e analisar a relação entre distância geográfica e diferenciação genética para direcionar um plano de manejo para espécies”, comenta Priscilla. Os resultados contribuem para o conhecimento da estrutura genética destas populações e estes dados serão utilizados na conservação da espécie. “Se for necessária a reintrodução, será possível selecionar animais com maior variabilidade, que apresentam, por consequência, maior probabilidade de se manter na natureza por mais tempo, ou seja, tem maior poder de adaptação”, acrescenta.

A população da Ilha do Cardoso, por exemplo, está mais próxima geneticamente das populações do Nordeste e do Sul do Brasil do que do interior do Estado de São Paulo. Uma das hipóteses que pode explicar isso é que a Serra do Mar serve de barreira geográfica. Há também uma proximidade genética entre as populações do Rio Grande do Norte com a do banhado do Taim.

O que pode responder a esse mistério é que durante a era geológica do Pleistoceno (aproximadamente 1.811.500 anos da nossa era), o nível do mar era mais baixo, tínhamos um alagado contínuo de Norte a Sul do Brasil e havia um fluxo entre as espécies. Com o aumento do nível do mar, as populações se fragmentaram, mas ainda guardam esses vestígios de milhares de anos, mas cada uma delas se adaptou regionalmente. ■